بررسی تنوع ژنتیکی ماهی سیم دریای خزر (*Abramis brama orientalis*; Berg, ۱۹۰۵) در سواحل چمخاله و بندرانزلی استان گیلان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

- **زینب حسین‌نیا***: گروه شیلات، دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: ۴۸۷-۴۹۱۷۵
- **علی شعبانی**: گروه شیلات، دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: ۴۸۷-۴۹۱۷۵
- **حامد کلنگی‌میاندره**: گروه شیلات، دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: ۴۸۷-۴۹۱۷۵

تاریخ دریافت: فروردین ۱۳۹۴ تاریخ پذیرش: تیر ۱۳۹۴

چکیده

ماهی سیم (*Abramis brama orientalis*) از جمله ماهیان استخوانی دریای خزر می‌باشد. تعداد ۳۰ قطعه ماهی از هر یک از مناطق چمخاله و بندرانزلی تهیه و مورد بررسی ژنتیکی قرار گرفتند. در این بررسی همه ۷ جایگاه ریزماهواره‌ای (Rser۱۰، Ic٦٥٤، MFW۷، MFW۲٦، ۱۱٤- Bl۲، ۱٥۳- Bl۱، M٤) چندشکلی را نشان دادند. نتایج نشان داد که تمایز بارز ژنتیکی بین دو منطقه از لحاظ Fst، Rst و آنالیز واریانس مولکولی وجود نداشته و میانگین تعداد الل در سطح جمعیت‌ها ۱۰/۵ و میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار نیز به‌ترتیب ۰/٦۱٥ و ۰/۸۲۰ می‌باشد. تقریباً اکثر جایگاه‌های ژنی انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را نشان دادند. شباهت و فاصله ژنتیکی بین دو منطقه به‌ترتیب ۰/٦۸٤ و ۰/۳۱٦ بود. براساس آنالیزهای موجود به‌نظر می‌رسد، گونه *Abramis brama* دارای تنوع ژنتیکی مطلوبی در مناطق مورد بررسی نمی‌باشد.

کلمات کلیدی: ماهی سیم، ریزماهواره، تنوع ژنتیکی، چندشکلی

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: z.hosseinnia@yahoo.com

مقدمه

ماهی سیم از جمله ماهیان استخوانی دریای خزر است. این ماهی متعلق به خانواده کپورماهیان (*Cyprinidea*) و جنس *Abramis* می‌باشد که از لحاظ اکولوژیک، بیولوژیک و اقتصادی اهمیت ویژه‌ای دارد (حسینی و سیرنگ، ۱۳۶۹). تالاب‌انزلی و مناطق هم‌جوار آن در سواحل دریای خزر به‌عنوان زیستگاه اصلی این گونه به‌شمار می‌آید (Kiabi و همکاران، ۱۹۹۹). مقدار صید این ماهی در سال ۵۹-۱۳۵۸ در سواحل جنوبی دریای خزر تا حد صفر کاهش یافت (حسینی و سیرنگ، ۱۳۶۹). به‌دلیل کاهش جمعیت این ماهی در سواحل جنوبی دریای خزر سازمان شیلات ایران برآن شد تا در سال ۱۳۶۵ با تکثیر مصنوعی تنها چند جفت مولد سیم نر و ماده صید شده از پره‌های صیادی سواحل جنوبی دریای خزر و رهاسازی بچه‌ماهیان به رودخانه‌ها و تالاب‌های منتهی به دریای خزر آن را بازسازی نماید. این عمل در سال‌های بعد، با استفاده از نسل‌های حاصل از همان مولدین ادامه یافت. این فعالیت در طی چند دهه اخیر باعث کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت ماهی سیم در سواحل ایران شد (خارا و همکاران، ۱۳۸۷).

به‌طورکلی مدیریت تنوع ژنتیکی در موجودات نیازمند ارزیابی ساختار ژنتیکی و تفکیک ذخایر گونه مورد نظر است. بنابراین جهت تحقق اهداف مدیریتی، مطالعات مولکولی جمعیت روی ماهیان تجاری انجام می‌گیرد (Park و Moran، ۱۹۹۵؛ Allenford و همکاران، ۱۹۸۷). بررسی مولکولی جمعیت‌ها وابسته است به وجود نشانگرهای پلی‌مورفی که تاثیرپذیری از محیط نداشته باشند. نشانگرهای مولکولی به‌طور مستقیم توانایی تعیین پراکندگی و تنوع ژنتیکی را دارند (Ferguson و همکاران، ۱۹۹۵). از مهم‌ترین نشانگرهای ژنتیکی که برای توصیف ذخایر ماهیان به‌کار می‌رود، میکروستلایت‌ها (واحدهای تکراری ۴-۲ نوکلئوتیدی) هستند (Beaumont و همکاران، ۲۰۰۳) که قادرند اطلاعات لازم در مورد تنوع ژنتیکی، تنوع اللی و پارامترهای دیگری که در ایجاد جمعیت‌ها نقش تعیین کننده دارند را در اختیار قرار دهند (Beacham و همکاران، ۲۰۰۰؛ Neigel و همکاران، ۱۹۹۷). این نشانگرها به‌عنوان کارآمدترین نشانگرها در آنالیز تنوع ژنتیکی در بین سایر نشانگرها در نظر گرفته شده‌اند (Askari و همکاران، ۲۰۱۳؛ Bartfai و همکاران، ۲۰۰۳). از بررسی‌های تنوع ژنتیکی ماهی سیم می‌توان به مطالعات Fuchs و همکاران (۱۹۹۸) در رودخانه‌های مین و دانوب و هم‌چنین Wolter و همکاران (۲۰۰۳) در رودخانه آلب آلمان اشاره کرد که وجود چند جمعیت درون گونه‌ای را در این ماهی تأیید کرده‌اند. خارا و همکاران (۱۳۸۴) مطالعه‌ای را بر روی ماهی سیم دریای خزر (سواحل جمهوری آذربایجان) و دریاچه سد ارس با استفاده از تکنیک PCR-RFLP روی قطعه‌ای از ژنوم میتوکندریایی شامل *tRNA-lu*، *tRNA-glu*، *ND* ۵/۶ و *Cyt b* انجام دادند که نتایج، تنوع ژنتیکی بارزی را در نمونه‌های ماهی سیم دریای خزر (سواحل جمهوری آذربایجان) نسبت به نمونه‌های ماهی سیم دریاچه سد ارس نشان داد. کیوان‌شکوه و همکاران (۱۳۸۷) به مقایسه سطح تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ایرانی و آذربایجانی ماهی سیم دریای خزر با استفاده از ۵ نشانگر ریزماهواره پرداختند که در طی آن نیز کاهش تنوع ژنتیکی ذخایر ایرانی نسبت به جمعیت‌های آذربایجانی مشاهده شد.

هر ساله تعداد زیادی بچه ماهی سیم توسط سازمان شیلات در دریای خزر رهاسازی می‌شود، از آن‌جائی‌که یکی از مباحث مهم و اساسی در حفظ تنوع ژنتیکی استفاده غیرانتخابی و فراوان مولدین می‌باشد، لذا هدف از این مطالعه ارزیابی وضعیت تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ماهی سیم در دو ایستگاه نمونه‌برداری در استان گیلان می‌باشد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری: نمونه‌برداری از ۶۰ عدد ماهی سیم از دو ایستگاه در سواحل جنوبی خزر (به‌طور متوسط ۳۰عدد از هر منطقه) در پاییز سال ۱۳۹۱ انجام شد. بدین‌صورت که حدود ۲-۳ گرم از باله سینه‌ای هرماهی جمع‌آوری و تا زمان استخراج درالکل ۹۶٪ قرار داده شدند. سپس نمونه‌ها برای استخراج DNA به آزمایشگاه ژنتیک و بیوتکنولوژی آبزیان دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان منتقل گردیدند.

آماده‌سازی نمونه‌ها: استخراج DNA از نمونه‌ها به‌روش فنل-کلروفرم (Hillis و همکاران، ۱۹۹۶) انجام پذیرفت.کیفیت و کمیت DNA استخراجی نیز با استفاده از روش الکتروفورز با ژل آگارز یک درصد و روش اسپکتروفتومتری تعیین گردید.

آنالیز مولکولی: در این مطالعه به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی از هفت جایگاه ریزماهواره استفاده گردید (جدول ۱). هر واکنش زنجیره پلی‌مراز در حجم ۲۵ میکرولیتر با ۰/۲ میلی‌مولار کلرید منیزیم، ۰/۲ میکرومولار نوکلئوتید، ۰/۵ میکرومولار از هر پرایمر، ۱ واحد بین‌المللی DNA پلیمراز (*Taq* DNA polymerase)، بافر PCR۱X، ۱۰۰ نانوگرم DNA و آب مقطر انجام گرفت. سیکل دمایی برای هر جایگاه عبارت بود از ۳ دقیقه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، در ادامه ۳۵چرخه شامل ۹۴ درجه برای ۳۰ ثانیه، درجه حرارت اتصال ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه برای ۱ دقیقه، با یک بسط نهایی ۷۲ درجه برای ۳ دقیقه. محصول زنجیره پلی‌مراز بر روی ژل پلی اکریل آمید ۸ درصد (غیریونیزه شده) جداسازی و به‌وسیله روش نیترات نقره رنگ‌آمیزی گردید (Bassam و همکاران، ۱۹۹۱).

آنالیز آماری: تعداد الل در هر جایگاه ژنی، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He)، تعداد الل‌های مشاهده شده (Na)، تعداد الل موثر (Ne)، تعادل هاردی

واینبرگ، مقادیر F_{st} و جریان ژنی با استفاده از نرم‌افزار Genealex ver.۶,۵ (Peakall و Smouse، ۲۰۱۲) محاسبه گردید. به‌منظور تعیین فاصله و شباهت ژنتیکی (Nei و همکاران، ۱۹۷۸) و رابطه فیلوژنیک جمعیت‌ها از نرم‌افزار PopGene ver ۱,۳۱ استفاده شد (Yeh و همکاران، ۱۹۹۹).

جدول ۱: خصوصیات جایگاه ژنی مورد استفاده در این تحقیق

نام جایگاه	طول(جفت باز)	توالی آغازگر	دمای اتصال
Bl۲-۱۱۴	۱۶۸-۲۷۲	F:ATCACTGCCATTTTATTA R:CTGCTCCGCTCTGTTCCA	۵۲
Bl۱-۱۵۳	۲۰۰-۲۷۶	F:GCACAGCTCTAATCGGTCACT R:TATGGTCAAACACGGGTCAA	۵۳
M۴	۱۰۰-۲۰۰	F:ACCGGGCTTTAGGCTGTTGGTCA R:TGAGACACATCCCATCACTGCCTACG	۵۹
Ic۶۵۴	۱۲۸-۱۷۲	F:TGAGCCGACACTAGAAACAGAGC R:GACAAAGTGCAGGCACAGAATG	۵۲
Mfw۷	۱۶۰-۲۰۰	F:TACTTTGCTCAGGACGGATGC R:ATCCCTGCACATGGCCACTC	۶۱
Mfw۲۶	۱۰۰-۱۴۸	F:CCCTGAGATAGAAACCACTG R:CACCATGCTTGGATGCAAAAG	۴۸
Rser۱۰	۱۶۰-۲۳۲	F:TGCGTAATCGTGAAGCGGTG R:GCCACTAAAGCGCAGAAGCC	۵۷

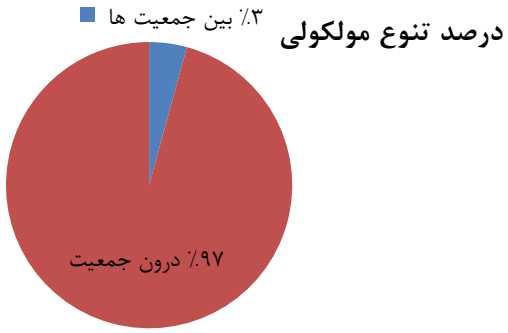
نتایج

با وجود اهمیت ماهی سیم، متاسفانه این گونه فاقد جایگاه ژنی اختصاصی می‌باشد، هفت جایگاه ژنی مورد استفاده در این بررسی با وجود غیراختصاصی بودن همگی دارای چندشکلی بودند. تعداد کل الل در سطح جایگاه در دامنه ۱۴-۷ به‌دست آمد. به‌طوری‌که جایگاه $bl_{۲}$-۱۱۴ بالاترین و جایگاه $MFW_{۲۶}$ پایین‌ترین تعداد الل را نشان دادند. میزان الل مشاهده شده (Na)، الل مورد انتظار (Ne)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و شاخص درون‌آمیزی در جدول ۲ نشان داده شده است. مقادیر متوسط هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o) و هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) به‌ترتیب ۰/۶۱۵ و ۰/۸۲ به‌دست آمد (جدول۲). هم‌چنین بین مناطق مورد بررسی تفاوت معنی‌داری از نظر هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار وجود نداشت (P>۰/۰۵). در بررسی تعادل هاردی-واینبرگ ۸ نمونه از ۱۴ تست مورد بررسی (۷جایگاه×۲ منطقه) به‌طور معنی‌داری با در نظر گرفتن ضریب تصحیح بونفرونی انحراف از تعادل را نشان دادند. متوسط شاخص درون آمیزی (F_{is}) و جریان ژنی (Nm) به‌ترتیب ۰/۱۷۵ و ۱۵/۵۰۹ را نشان دادند. از نظر تمایز بین مناطق میزان شاخص F_{st}، R_{st} و براساس آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA)، به‌ترتیب ۰/۰۲۶ و ۰/۰۲۵ به‌دست آمد. هم‌چنین نتایج براساس AMOVA نشان داد که ۹۶ درصد از تنوع مشاهده شده مربوط به درون جمعیت‌ها و تنها ۴ درصد از تنوع مربوط به بین جمعیت‌هاست (شکل۲).

جدول۲: آماره‌های مربوط به تنوع ژنتیکی جایگاه‌های ژنی مورد استفاده در مناطق مورد بررسی

منطقه	جایگاه	BL۲-۱۱۴	BL۱-۱۵۳	MFW۷	MFW۲۶	Rser۱۰	IC۶۵۴	M۴
بندرانزلی	Na	۱۴	۱۳	۱۰	۷	۱۳	۹	۹
	Ne	۱۰/۶۶۷	۹/۶۳۹	۷/۰۸۰	۵/۰۶۳	۱۰/۱۲۷	۵/۴۷۹	۶/۱۵۴
	H.	۰/۸۵	۰/۸۵	۰/۹۰	۰/۶۰	۰/۸۵	۰/۵۵	۰/۶۵
	H_e	۰/۹۰۶	۰/۸۹۶	۰/۸۵۹	۰/۸۰۳	۰/۹۰۱	۰/۸۱۸	۰/۸۳۸
	pHw	Ns	Ns	***	***	Ns	***	***
چمخاله	Na	۱۲	۱۳	۸	۷	۱۳	۸	۹
	Ne	۹/۴۱۲	۱۰/۱۲۷	۵/۶۷۴	۴/۵۲۰	۸/۳۳۳	۴/۶۷۸	۶/۶۶۷
	H.	۰/۷۰	۱/۰۰	۰/۵۵	۰/۳۰	۰/۶۵	۰/۷۰	۰/۷۵
	He	۰/۸۹۴	۰/۹۰۱	۰/۸۲۴	۰/۷۰۹	۰/۸۸۰	۰/۷۸۶	۰/۸۵۰
	pHw	Ns	Ns	Ns	**	***	Ns	ns

Na: تعداد الل مشاهده شده، Ne: تعداد الل مؤثر، .H هترازیگوسیتی مشاهده شده، He: هترازایگوسیتی مورد انتظار، pHw: تست تعادل هاردی-واینبرگ (ns: عدم معنی‌داری، p<۰/۰۱ **، p<۰/۰۰۱ ***)



شکل۱: چگونگی توزیع تنوع ژنتیکی به‌دست آمده براساس معیار F_{st}

جدول۳: میزان F_{st}(ضریب تمایز)، F_{is} (ضریب درون آمیزی)، Nm (جریان ژنی) در جایگاه‌های ژنی مورد مطالعه

شاخص	جایگاه							میانگین
	Bl۲-۱۱۴	Bl۱-۱۵۳	MFW۷	MFW۲۶	Rser۱۰	Ic۶۵۴	M۴	
F_{st}	۰/۰۱۶	۰/۰۱۵	۰/۰۳۸	۰/۰۰۷	۰/۰۱۵	۰/۰۱۶	۰/۰۳۹	۰/۰۲۱
F_{is}	۰/۱۳۹	-۰/۱۲۹	۰/۱۳۸	۰/۴۳۱	۰/۱۵۸	۰/۲۲۱	۰/۱۷۰	۰/۱۷۵
Nm	۱۵/۳۱۹	۱۵/۹۷۸	۰/۱۳۸	۰/۴۳۱	۰/۱۵۸	۰/۲۲۱	۰/۱۷۰	۱۵/۵۰۹

جدول۴: آنالیز واریانس مولکولی(AMOVA) در R_{st}

	Df	SS	MS	Est.Var.	٪	Stat	Value	Prob
بین جمعیت‌ها	۱	۱۰۵/۱۵۰	۱۰۵/۱۵۰	۱/۳۸۵	۲درصد			
بین افراد	۳۸	۱۸۸۹/۸۵۰	۴۹/۷۳۳	۰/۰۰۰	۰درصد			
درون افراد	۴۰	۲۳۱۴/۰۰۰	۵۷/۸۵۰	۵۷/۸۵۰	۹۸درصد	R_{st}	۰/۰۲۵	۰/۰۶

df (درجه آزادی)، SS (مجموع مربعات)، Ms (انحراف میانگین مربع)، Prob (معنی‌دار بودن انحراف بعد از ۹۹۹ جایگزینی تصادفی)

براساس معیار فاصله ژنتیکی Nei مقدار فاصله ژنتیکی ۰/۳۱۶ و شباهت ژنتیکی ۰/۶۸۴ به‌دست آمد. دندروگرام UPGMA به‌دست آمده براساس فاصله ژنتیکی نیز جدایی را بین جمعیت‌های دو منطقه مورد بررسی نشان نداده است.

بحث

امروزه تنوع ژنتیکی به‌عنوان یکی از شاخص‌های مهم وضعیت اکولوژیک اکوسیستم‌های آبی است که به‌عنوان ابزار منحصر به فرد و توانمندی برای ارزیابی و مدیریت جوامع زیستی مطرح است (Avise، ۲۰۰۰). آگاهی از وجود تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های یک گونه از دیدگاه آبزی‌پروری و انتخاب مولدین شایسته جهت تکثیر در کارگاه‌ها و هم‌چنین بهره‌برداری از ذخایر طبیعی و حمایت از سیاست‌های دولتی برای حفاظت از گونه‌های در معرض خطر انقراض حائز اهمیت می‌باشد. نشانگرهای ریزماهواره که جهت مطالعه ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد، در ژنوم بسیاری از ماهی‌ها کشف گردیده و در بررسی‌های ژنتیکی و بوم شناسی حائز اهمیت می‌باشد (Dunhaum و همکاران، ۲۰۰۴). قبلاً نیز بررسی‌های ژنتیکی روی ماهی سیم (*Abramis brama*) انجام شده است (Wolter و همکاران، ۲۰۰۳؛ Fuchus و همکاران، ۱۹۹۸).

براساس نتایج، میانگین تعداد الل‌های مشاهده شده از مناطق مورد مطالعه ۱۰/۵ به‌دست آمد. تعداد الل مؤثر در همه جایگاه‌ها کم‌تر از الل واقعی می‌باشد از آن‌جا که شیلات ایران هر ساله ۱۵میلیون بچه‌ماهی سیم را به خزر رهاسازی می‌کند، می‌توان آن را به محدود بودن تعداد مولدین مؤثر (Ne) در کارگاه‌های تکثیر مصنوعی و امکان از دست رفتن الل‌ها در طی زمان نسبت داد، هم‌چنان که حذف اللی در گونه قزل‌آلای قهوه‌ای نیز مشاهده گردید (Was و همکاران، ۲۰۰۲؛ Elegren و همکاران، ۱۹۹۲). هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار نیز بین جمعیت‌ها قابل قیاس می‌باشد. در مقدار هتروزیگوسیتی جمعیت‌های ماهی سیم نیز کاهش مشاهده شد که با نتایج تحقیقات قبلی از این حیث مطابقت دارد (کیوان‌شکوه و همکاران، ۱۳۸۹).

فاکتور F_{st} که توصیف‌کننده تمایز جمعیت در سطوح مختلف ساختار ژنتیکی می‌باشد در نمونه‌های بررسی شده، مقدار ۰/۰۲۶ به‌دست آمد. اگر میزان F_{st} کم‌تر از ۰/۰۵ باشد، نشان‌دهنده وجود تمایز کم در بین جمعیت‌ها می‌باشد. بنابراین نمونه‌های بررسی شده، دارای دو جمعیت مجزا از هم نیستند. در بررسی کیوان شکوه و همکاران (۱۳۸۹) نیز در جمعیت‌های ایرانی مقدار F_{st} به‌طور معنی‌داری کم‌تر از صفر شد که تمایز کم بین جمعیت‌ها را نشان داد. از آن‌جاکه معیار R_{st} وابسته به جهش نمی‌باشد، داده‌های بیولوژیک مناسب‌تری را نسبت به معیار F_{st} فراهم می‌کند (Balloux و Moulin، ۲۰۰۲). طبق نتایج R_{st} ، ۹۸٪ تنوع مربوط به درون جمعیت‌ها و تنها ۲٪ مربوط به بین جمعیت‌هاست. کم بودن تنوع بین جمعیتی و معیار F_{st}، نشانه جریان ژنی بالا در بین جمعیت‌هاست (Pinera و همکاران، ۲۰۰۷). این جریان ژنی بالا با توجه به فاصله مناطق مذکور و مهاجرت بین مناطق قابل توجیه می‌باشد. از طرفی مقدارعددی Nm، ۱۵/۵۰ می‌باشد که در تحقیق کیوان‌شکوه و همکاران (۱۳۸۹) این مقدار بین جمعیت‌های ایرانی ۱۶/۳۰ به‌دست آمد. هرگاه Nm>۱ باشد، جریان ژنی عامل اصلی در تمایز ژنتیکی بوده و هر گاه Nm<۱ باشد، رانش ژنی عامل اصلی تمایز ژنتیکی می‌باشد (li و همکاران، ۲۰۰۷). از این‌رو نتایج حاکی از سطح بالای جریان ژنی بین دو منطقه و تعلق آن‌ها به یک جمعیت واحد می‌باشد. فاصله ژنتیکی میان جمعیت‌ها نیز ۰/۳۱۶ بود که دلیل دیگری برعدم وجود تفاوت معنی‌دار بین جمعیت‌های مذکور می‌باشد که با نتایج به‌دست آمده از تحقیق قبلی از این حیث مطابقت دارد (کیوان‌شکوه و همکاران، ۱۳۸۹). علاوه بر این مقادیر F_{is} به‌طور معنی‌داری ($p<۰/۰۵$) در جمعیت‌های مذکور بالاتر از صفر بود که حاکی از آمیزش غیرتصادفی میان افراد جمعیت می‌باشد. در بررسی تعادل هاردی-واینبرگ، هردو منطقه در بیش‌تر جایگاه‌ها انحراف از تعادل را نشان دادند ($P< ۰/۰۵$) (۸ مورد از ۱۴ تست مورد بررسی). با توجه به این‌که تعادل هاردی- واینبرگ براساس جفت‌گیری تصادفی در یک جمعیت است، بنابراین انتظار انحراف از تعادل هاردی- واینبرگ در جمعیت‌های وحشی وجود دارد (Dixon و همکاران، ۲۰۰۸).

براساس آنالیزهای موجود به‌نظر می‌رسد، گونه *Abramis brama orientalis* دارای تنوع ژنتیکی مطلوبی در مناطق مورد بررسی نمی‌باشد و از آن‌جا که ماهی سیم را می‌توان جزء ماهیان مهاجر به‌حساب آورد، کاهش تنوع ژنتیکی بین دو منطقه را می‌توان به جریان ژنی بالای بین ماهیان دو منطقه نسبت داد. با توجه به اهمیت اقتصادی این گونه در دریای خزر، حفظ تنوع ژنتیکی آن در مناطق مورد بررسی لازم و ضروری به‌نظر می‌رسد. بنابراین مدیریت تنوع ژنتیکی مراکز تکثیر باید طوری باشد که موجب افزایش موفقیت ماهیان رهاسازی شده در زیست بوم‌های طبیعی شود.

تشکر و قدردانی

از دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان جهت تامین تجهیزات و امکانات آزمایشگاهی و دکتر علی شعبانی و دکتر حامد کلنگی جهت تامین مالی و از همکاری خانم محبوبه کرمی‌نسب در آزمایشگاه و خانم فاطمه حسین‌نیا جهت جمع‌آوری نمونه‌ها تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع

۱. **حسینی، س.ا. و سیرنگ، ه.، ۱۳۶۹.** ماهی سیم. انتشارات مرکز تحقیقات شیلات گیلان، بندرانزلی. ۱۲۲ صفحه.

۲. **خارا، ح.؛ کیوان، ا.؛ پورکاظمی، م.؛ وثوقی، غ.م.؛ رضوانی، س.؛ نظامی، ش.ع.؛ قاسمی، ا.؛ حسن‌زاده، م.؛ احمدنژاد، م. و قناعت‌پرست، ا.، ۱۳۸۷.** تنوع ژنتیکی ماهی سیم (*Abramis brama orientalis, berg* ۱۹۰۵) در تالاب انزلی، سواحل جنوب (ایران) و جنوب غربی دریای خزر (جمهوری آذربایجان). مجله زیست‌شناسی ایران. جلد ۴، صفحات ۳۳ تا ۴۸.

۳. **کیوان‌شکوه، س. و قاسمی، ا.، ۱۳۸۹.** بررسی مقایسه‌ای ساختار ژنتیکی ماهی سیم دریای خزر (*Abramis brama orientalis*) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. ژنتیک نوین. دوره ۵، شماره ۱، صفحات ۴۷ تا ۵۲.

٤. **Allendorf, F.; Ryman, N. and Utter, F., ۱۹۸۷.** Genetics and fishery management. University of Washington. Wasgington. ۱۲۷ p.

٥. **Askari, G.H.; Shabani, A. and Kolangi, H., ۲۰۱۳.** Application of molecular markers in fisheries and aquaculture. Scientific Journal of Animal Science. Vol. ۲, No. ٤, pp: ۸۲-۸۸.

٦. **Avise, J.C., ۲۰۰۰.** Phylogeography the history and formation of species. Harward University Press, Cambridge. ۲۸۱ p.

۷. **Balloux, F. and Moulin, N., ۲۰۰۲.** The estimate of population diffrention with microsatellite markers. Molecular Ecology. Vol. ۱۱, pp: ۱٥٥-۱٦٥.

۸. **Bassam, B.J.; Caetano-Anolles, G. and Gresshoff, G.M., ۱۹۹۱.** Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Annu. Rev. Biochem. Vol. ۸٤, pp: ٦۸۰-٦۸۳.

۹. **Bartfai, R.; Egedi, S.; Yue, G.H.; Kovacs, B.; Urbanyi, B.; Tamas, G.; Horvath, L. and Orban, L., ۲۰۰۳.** Genetic analysis of two common carp brood stocks by RAPD and microsatellite markers. Aquaculture. Vol. ۲۱۹, pp: ۱٥۷-۱٦۷.

۱۰. **Beacham, T.D.; Mcintosh, M. and MacConnachie, C., ۲۰۰٤.** Population structure of lake-type and river-type sockeye salmon in Transboundary Rivers of northern British Columbia. Journal of Fish Biology. Vol. ٦٥, pp: ۳۸۹-٤۰۲.

۱۱. **Beardmore, J.A.; Mair, G.C. and Lewis, R.I., ۱۹۹۷.** Biodiversity in aquatic systems in relation to aquaculture. Aquaculture Research. Vol. ۲۸, pp: ۸۲۹-۸۳۹.

۱۲. **Beaumont, A.R. and Hoare, K., ۲۰۰۳.** Biotechnology and Genetics in Fisheries and

Aquaculture. University of Wales, Bangor, UK. Published by Blackwell Science Ltd, ۱۵۸ P.

۱۳. **Dewoody, J.A. and Avise, J.C., ۲۰۰۰.** Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. Fish biology. Vol. ۵۶, pp: ٤٦١-٤٧٣.

۱٤. **Dixon, T.J.; Coman, G.J.; Arnold, S.J.; Sellars, M.J.; Lyons, R.E.; Dierens, D.; Preston, N.P. and Li, Y., ۲۰۰۸.** Shifts in genetic diversity during domestication of Black Tiger shrimp, *Penaeus monodon*, monitored using two multiplexed microsatellite systems. J. Aquaculture. Vol. ۲۸۳, pp: ۱-٦.

۱۵. **Dunham, R.A., ۲۰۰٤.** *Aquaculture and fisheries biotechnology genetic approaches*, CABI Pub, Wallingford, Oxfordshire, UK; Cambridge, MA, USA. ۳٤۹ P.

۱٦. **Ellegren, H., ۱۹۹۲.** Polymerase Chain Reaction (PCR) analysis of microsatellites - a new approach to studies of genetic-relationships in birds. Auk. Vol. ۱۰۹, pp: ۸۸٦-۸۹۵.

۱۷. **Felsenstein, J., ۱۹۸۵.** Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution. Vol. ۳۹, pp: ۷۸۳-۷۹۱.

۱۸. **Ferguson, A.; Taggart, J.B.; Prodohl, P.A.; McMeel, O.; Thompson, C.; Stone, C.; McGinnity, P. and Hynes, R.A., ۱۹۹۵.** The application of molecular markers to the study and conservation of fish populations whit special reference to Salmo. Fish Biology. Vol. ٤۷, pp: ۱۰۳-۱۲٦.

۱۹. **Fuchs, H.; Gross, R.; Stein, H. and Rottmann, O., ۱۹۹۸.** Application of molecular genetic markers for the differentiation of bream (*Abramis brama L.*) populations from the rivers main and Danube. Journal of Icthyology. Vol. ۱٤, No. ۱-۲, pp: ٤۹-۵۵.

۲۰. **Hassanien, H.A.; Elnady, M.; Obeida, A. and Itriby, H., ۲۰۰٤.** Genetic diversity of Nile tilapia populations elevated by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD). Aquaculture Research. Vol. ۳۵, pp: ۵۸۷-۵۹۳.

۲۱. **Kiabi, B.H.; Abdoli, A. and Naderi, M., ۱۹۹۹.** Status of the fish fauna in the south Caspian Basin of Iran. Zoology in the Middle East. Vol. ۱۸, pp: ۵۷-٦۵.

۲۲. **Lucentini, L.; Palomba, A.; Lancioni, H.; Gigliarelli, L.; Natali, M. and Panara, F., ۲۰۰٦.** Microsatellite polymorphism in Italian populations of northern pike (*Esox lucius* L.). Fisheries Research. Vol. ۸۰, pp: ۲۵۱-۲٦۲.

۲۳. **Nei, M., ۱۹۷۲.** Genetic distance between populations. American Naturalist. Vol. ۱۰٦, pp: ۲۸۳-۲۹۲.

۲٤. **Neigel, J.E., ۱۹۹۷.** A comparison of alternative strategies for estimating gene flow from genetic markers. Annual Review of Ecology and Systematics. Vol. ۲۸, pp: ۱۰۵-۱۲۸.

۲۵. **Park, L.K. and Moran, P., ۱۹۹۵.** Developments in molecular genetic techniques in fisheries. Molecular Genetics in Fisheries. London. ۲۹٦ P.

۲٦. **Pinera, J.A.; Blanco, G.; Vázquez, E. and Sánchez, J.A., ۲۰۰۷.** Genetic diversity of black spot seabream (*Pagellus bogaraveo*) populations Spanish Coasts: a preliminary study. Marin Biology. Vol. ۱۵۱, pp: ۲۱۵۳-۲۱۵۸.

۲۷. **Rezvani Gilkolaei, K.; Salari Aliabadi, M.A.; Zolgharnain, H. and Nabavi, S.M.B., ۲۰۰۹.** Population genetic structure of Cobia, *Rachycentron canadum* revealed by microsatellite markers. Iranian journal of Fisheriesscience. Vol. ۳, pp: ٦۱-٦۹.

۲۸. **Sambrok, J.; Fritsch, E.F. and Maniatis, T., ۱۹۸۹.** Electrophoresis of RNA through gels containing formaldehyde: Molecular Cloning, ۲nd edn. Cold Spring Harbor, NY: CSH Laboratory Press. pp: ۷٤۳-۷٤۵.

۲۹. **Was, A. and Wenne, R., ۲۰۰۲.** Genetic differentiation in hatchery and wild sea trout (*Salmo trutta*) in the SouthernBaltic at microsatellite loci. Aquaculture. Vol. ۲۰٤, pp: ٤۹۳-۵۰٦.

۳۰. **Wolter, C.; Kirschbaum, F. and Ludwig, A., ۲۰۰۳.** Sub-population Structure of Common Fish Species in the Elbe River estimated from DNA analysis. J. Appl. Ichthyol. Blakwell verlage, Berlin. Vol. ۱۹, pp: ۲۷۸-۲۸۳.

۳۱. **Wright, S., ۱۹۷۸.** Evolution and the genetics of populations variability within and among natural populations. University of Chicago Press. ۲nd Ed., University of Chicago Press, Chicago. ٤۰۲ P.

۳۲. **Yeh, F.C.; Yang, R.C. and Boyle, T., ۱۹۹۹.** POPGENE version ۱,۳,۱. Microsoft Windowbases Freeware for population Genetic Analysis. Available: www.uallberta.ca/fyeh/. University of Alberta and the Centre for International Forestry Research. ۳۷٤ P.

۳۳. **Yue, G.H.; Li, Y.; Lim, L.C. and Orban, L., ۲۰۰٤.** Monitoring the genetic diversity of three Asian arowana (Scleropages formosus) captive stocks using AFLP and mictosatellite. Aquaculture. Vol. ۲۳۷, pp: ۸۹-۱۰۲.