چندشکلی ریزماهواره‌ای در جمعیت‌های ماهی خیاطه (*Alburnoides eichwaldi*) رودخانه‌های کبودوال و سفیدرود

- **لادن جهانگیری***: 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

تاریخ دریافت: اردیبهشت ۱۳۹۴ تاریخ پذیرش: شهریور ۱۳۹۴

چکیده

ماهی خیاطه (*Alburnoides eichwaldi*) یک گونه رودخانه‌ای است که در حوضه جنوبی دریای خزر از فراوانی نسبتاً خوبی برخوردار می‌باشد اما در بسیاری از آب‌های اروپا نزدیک به انقراض می‌باشد. تاکنون هیچ‌گونه مطالعه‌ای در زمینه تنوع ژنتیکی این گونه صورت نگرفته است. در این تحقیق به‌منظور بررسی ساختار ژنتیکی ماهی خیاطه در رودخانه‌های کبودوال و سفیدرود از ٦ جایگاه ریزماهواره‌ای استفاده شد. طبق نتایج حاصله، متوسط میزان Fst ۰/۰۲۰ به‌دست آمد. در بررسی تعادل هاردی-واینبرگ، نمونه‌ها در اکثر جایگاه‌ها انحراف از تعادل را نشان دادند. تعداد الل‌ها در محدوده ۲۱-۸ و هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار به‌ترتیب در دامنه ۱-۰/۵٤۱ (میانگین :۰/۰٦ ± ۰/۸۵۳) و ۰/۹۲۷-۰/۸۳٤ (میانگین : ۰/۸۸۷) به‌دست آمد که بیان‌گر این مطلب است که جمعیت‌های مورد بررسی از غنای اللی و تنوع ژنتیکی قابل توجهی برخوردار می‌باشند. هم‌چنین آنالیز واریانس مولکولی نشان داد که تنوع پایینی بین جمعیت‌ها وجود داشته و بخش عمده تنوع مشاهده‌شده مربوط به درون جمعیت‌ها می‌باشد. نتایج حاصل از بررسی فاصله ژنتیکی نیز حاکی از جدایی جمعیت‌های ماهی خیاطه در رودخانه‌های مورد بررسی می‌باشد.

کلمات کلیدی: تنوع ژنتیکی، ریزماهواره، فاصله ژنتیکی، ماهی خیاطه

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: Ladan_jahangiri@yahoo.com

مقدمه

خانواده کپورماهیان (Cyprinidae) یکی از خانواده‌های مهم ماهیان هستند که با داشتن بیش از ۲۰۰۰ گونه در چهار قاره جهان پراکنش دارند (Kirpichnikov، ۱۹۷۲). ماهی خیاطه با نام علمی *Alburnoides eichwaldi* (De Filippi,۱۸۶۳) یکی از گونه‌های کپورماهیان موجود در ایران می‌باشد. اهمیت ماهی خیاطه در شیلات، معمولاً به‌عنوان طعمه برای صید و از لحاظ تفریحی نگه‌داری در آکواریوم می‌باشد (Bogtskaya، ۱۹۹۷). اندازه آن کوچک است، بنابراین ارزش صید ورزشی و اقتصادی ندارد، اما با توجه به رنگ‌های زیبای روی بدن دارای ارزش زیبایی‌شناسی می‌باشد (Abdoli، ۲۰۰۰). Rothe (۲۰۰۸) ماهی خیاطه را یک گونه رودخانه‌ای معرفی کرد و بیان نمود که به علت فشارهای وارده انسان به رودخانه‌ها در اروپا و هم‌چنین کمیابی و اندازه کوچک جمعیت، این گونه در لیست قرمز گونه‌های در معرض خطر قرار گرفته و به شدت تحت حفاظت است.

تنوع ژنتیکی، قابلیت بقای یک گونه و یا جمعیت را از طریق ایجاد توانایی سازگاری با تغییرات محیطی فراهم می‌کند، بنابراین، تنوع ژنتیکی برای بقای طولانی‌مدت یک گونه ضروری است (Bataillon و همکاران، ۱۹۹۶). به‌طورکلی مدیریت تنوع ژنتیکی در موجودات، نیازمند ارزیابی ساختار ژنتیکی و تفکیک ذخایر گونه مورد نظر است (Pujolar و همکاران، ۲۰۰۹).

مطالعات صورت گرفته بر روی ماهیان دریای خزر نشان دهنده این واقعیت است که بسیاری از ماهیان روند گونه‌زایی را طی نموده و فرایند ایجاد جمعیت‌ها هم‌چنان ادامه دارد به‌طوری‌که گونه‌های خزری و دریای سیاه- خزری، زیرگونه‌ها و جمعیت‌هایی را در مناطق مختلف دریای خزر تشکیل داده‌اند (Rahmani، ۲۰۰۶). Azizi و همکاران (۲۰۱۱) در بررسی اثر سد بر تنوع و تمایز ریخت‌سنجی ماهی خیاطه در رودخانه تجن ساری بیان کردند برای اطمینان از تمایز جمعیت‌های این ماهی و به دست آوردن نتایج قطعی‌تر نیاز به مطالعات مولکولی می‌باشد، هم‌چنین Ahmadi و همکاران (۲۰۱۱) در بررسی برخی خصوصیات ساختار جمعیت ماهی خیاطه در سرشاخه‌های اصلی رودخانه تالار استان مازندران بیان کردند که برای بررسی کامل‌تر جدایی جمعیتی، باید از روش‌های نوین ژنتیکی استفاده نمود. هم‌اکنون کاهش ذخایر آبزیان در اکثر نقاط دنیا توجه محققان را به اعمال روش‌های دقیق مولکولی جهت مدیریت ذخایر آبزیان جلب نموده است (Lin و همکاران، ۲۰۰۲). در ابتدا ارزیابی ساختار ذخایر، تشخیص گونه‌ها و جمعیت‌ها با استفاده از صفات مورفومتریک و مریستیک صورت می‌گرفت، اما با توجه به حساسیت بالای این صفات به تغییرات محیطی و آثار منفی دستکاری در نشانه‌گذاری بر سلامت ماهیان و هم‌چنین، محدود بودن تفسیر داده‌های حاصل از آن، علم استفاده از نشانگرهای مولکولی، هم‌چون ریزماهواره‌ها، آلوزایم و RAPD برای شناسایی ساختار ژنتیکی ذخایر توسعه یافت (Verspoor و Jordan، ۱۹۸۹). تاکنون هیچ گونه مطالعه‌ای در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی ماهی خیاطه صورت نگرفته است. در این تحقیق سعی شد با استفاده از ۶ جایگاه ریزماهواره به بررسی ساختار ژنتیکی ماهی خیاطه در رودخانه‌های کبودوال و سفیدرود پرداخته شود.

مواد و روش‌ها

تعداد ۵۴ نمونه ماهی خیاطه از رودخانه‌های کبودوال (۳۶ درجه شمالی و ۵۴ درجه شرقی) و سفیدرود (۳۷ درجه شمالی و ۴۹ درجه شرقی) در پاییز سال ۱۳۹۰ صید گردید (به‌طور متوسط ۲۷ نمونه از هر رودخانه). حدود ۳-۲ گرم از باله پشتی هر ماهی جمع‌آوری و تا زمان استخراج DNA در الکل اتیلیک ۹۶ درصد قرار داده شد. استخراج DNA، به روش فنل-کلروفرم انجام پذیرفت (Hillis و همکاران، ۱۹۹۶). DNAهای استخراجی پس از افزودن ۱۰۰ میکرولیتر آب مقطر استریل تا زمان انجام آزمایش‌های مربوطه در فریزر ۲۰- نگه‌داری شدند. کیفیت و کمیت DNA استخراجی، با استفاده از روش الکتروفورز با ژل آگارز ۱ درصد و اسپکتروفتومتر تعیین گردید (Sambrook و همکاران، ۱۹۸۹). ۶ جایگاه ژنی ریزماهواره LleA-۰۷۱، LleC-۰۹۰، Rser ۱۰، Ca۳ (Dubut و همکاران، ۲۰۱۰)، MFW۲ و MFW۱۷ (Crooijmans و همکاران، ۱۹۹۷) از مطالعات انتشار یافته انتخاب شدند. PCR برای هر یک از آغازگرها انجام شد و بهترین دمای اتصال برای هر یک از آن‌ها به‌دست آمد (جدول ۱).

جدول ۱: خصوصیات جایگاه‌های ژنی به‌کار برده شده در این مطالعه

جایگاه ژنی	وزن (جفت باز)	توالی پرایمر	دمای اتصال
LleA-071	۳۱۲-۴۴۴	F:GTCTTAGATTGTGTAGCGGG R:ACTTCAGTTACTAAGAGATTAGTGA	۵۰
LleC-090	۱۵۲-۳۸۴	F:TCAGACACAACTAACCGACC R:GGCGCTGTCCAGAACTGA	۵۵
Rser10	۱۷۶-۲۴۸	F:TGCGTAATCGTGAAGCGGTG R:GCCACTAAAGCGCAGAAGCC	۶۰
Ca3	۲۴۸-۳۶۴	F:GGACAGTGAGGGACGCAGAC R:TCTAGCCCCCAAATTTTACGG	۵۸
MFW2	۱۸۰-۲۳۶	F:CACACCGGGCTACTGCAGAG R:GTGCAGTGCAGGCAGTTTGC	۶۱
MFW17	۱۷۶-۲۲۸	F:CTCAACTACAGAGAAATTTCATC R:GAAATGGTACATGACCTCAAG	۵۰

حجم واکنش PCR، ۲۵ مایکرولیتر شامل ۱۵ نانوگرم DNA، ۰/۵ مایکرومولار از هر آغازگر، ۴۰۰ مایکرومولار نوکلئوتیدها، یک واحد بین‌المللی تک‌DNAپلیمراز، بافر (1X) PCR، ۱/۵ میلی‌مولار کلریدمنیزیم و آب مقطر استریل تا رسیدن به حجم بود. هم‌چنین چرخه‌های حرارتی شامل ۳ سیکل: ۱ سیکل ۳ دقیقه‌ای در دمای ۹۴ درجه (واسرشته‌سازی اولیه)، ۳۵ سیکل ۹۴ درجه به‌مدت ۳۰ ثانیه (واسرشته‌سازی)، درجه حرارت اتصال اختصاصی هر آغازگر (جدول۱) به‌مدت ۳۰ ثانیه (الحاق) و ۷۲ درجه به‌مدت ۱ دقیقه (بسط)، و ۱ سیکل ۷۲ درجه‌ای به‌مدت ۳ دقیقه به‌عنوان مرحله بسط نهایی بود.

محصولات PCR روی ژل پلی‌اکریل‌آمید ۶ درصد (غیریونیزه) جداسازی و ژل‌ها با روش نیترات نقره (Bassam و همکاران، ۱۹۹۱) رنگ‌آمیزی شدند.

پس از تهیه تصاویر ژل‌ها، محاسبه طول قطعات با نرم‌افزار Gel pro analyzer ۶/۰، بررسی تعداد الل‌ها و هتروزایگوسیتی با نرم‌افزار Genealex (Peakall و Smouse، ۲۰۰۶)، تست انحراف از تعادل هاردی- واینبرگ با نرم‌افزار GenePop (Raymond و Rousset، ۱۹۹۵)، تعیین شاخص درون‌آمیزی (F_{is}) با نرم‌افزار FSTAT (Goudet، ۲۰۰۱) و ترسیم درخت UPGMA با نرم‌افزار PopGene (Yeh و همکاران، ۱۹۹۹) انجام شد.

نتایج

تعداد کل الل در سطح جایگاه‌ها در دامنه ۲۱-۸ به‌دست آمد، به‌طوری‌که جایگاهRser10 پایین‌ترین (۸) و جایگاه LleA-071 بالاترین (۲۱) تعداد الل را نشان دادند. تعداد متوسط الل‌های مشاهده شده و موثر در کبودوال به‌ترتیب ۱۳ و ۹/۴۲۸ و در سفیدرود ۱۴/۵ و ۱۰/۵۷۹ به‌دست آمد که از این نظر بین دو رودخانه تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد ($P>0/05$). مقادیر هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده (H_o) و مورد انتظار (H_e) به‌ترتیب در دامنه ۱-۰/۵۴۱ (متوسط: ۰/۸۵۳) و ۰/۹۲۷-۰/۸۳۴ (متوسط: ۰/۸۸۷) قرار داشت. متوسط هتروزایگوسیتی مشاهده شده در سطح رودخانه‌ها نیز به‌ترتیب ۰/۷۸۶ و ۰/۹۲۰ برای کبودوال و سفیدرود به‌دست آمد (جدول ۲). هم‌چنین بین مناطق مورد بررسی تفاوت معنی‌داری از نظر میزان هتروزایگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار، مشاهده نشد ($P>0/05$). در بررسی تعادل هاردی- واینبرگ، ۹ نمونه از ۱۲ تست مورد بررسی (۶ جایگاه× ۲ منطقه) به‌طور معنی‌داری ($P\leq0/05$) انحراف از تعادل نشان دادند، اما پس از به‌کار بردن ضریب تصحیح بونفرونی تنها ۵ نمونه انحراف معنی‌داری از تعادل داشتند ($P\leq0/0083$). متوسط شاخص درون‌آمیزی (F_{is}) و جریان ژنی به‌ترتیب ۰/۰۳۶ و ۲۱/۱۸۱ را نشان دادند. در بررسی شاخص F_{is}، جایگاه Ca۳ در رودخانه کبودوال کسری هتروزایگوسیتی معنی‌داری ($P\leq0/002$) پس از اعمال ضریب تصحیح توسط نرم‌افزار FSTAT نشان داد (جدول ۲). از نظر تمایز بین مناطق میزان شاخص F_{st} و R_{st} براساس آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA)، به‌ترتیب ۰/۰۲ و ۰/۱۶۶ به‌دست آمد.

بررسی نتایج F_{st} حاصل از آنالیز واریانس مولکولی در سطح ۹۹٪ نشان داد که تنوع ژنتیکی بالایی (۹۸٪) درون جمعیت‌ها و تنوع پایینی (۲٪) بین جمعیت‌ها وجود دارد (شکل ۱).

جدول ۲: تنوع ژنتیکی شش جایگاه مورد مطالعه در جمعیت‌های ماهی خیاطه

		LleA-071	LleC-090	Rser10	Ca3	MFW2	MFW17
کبودوال	N_a	۱۵	۱۳	۸	۱۹	۹	۱۴
	N_e	۹/۹۸۷	۷/۷۲۴	۴/۹۷۸	۱۵/۸۳۸	۷/۷۲۴	۱۰/۳۱۶
	H_o	۱/۰۰۰	۰/۹۲۹	۰/۶۴۳	۰/۳۲۱	۰/۹۶۴	۰/۸۵۷
	H_e	۰/۹۰۰	۰/۸۷۱	۰/۷۹۹	۰/۹۳۷	۰/۸۷۱	۰/۹۰۳
	F_{is}	-۰/۱۱۱	-۰/۰۶۷	۰/۱۹۶	**۰/۶۵۷**	-۰/۱۰۸	۰/۰۵۱
	pHw	ns	***	**	***	***	ns
سفیدرود	N_a	۲۱	۲۰	۱۲	۱۶	۹	۹
	N_e	۱۵/۸۲۳	۱۳/۷۳۶	۷/۶۲۲	۱۲/۰۱۹	۷/۴۴۰	۶/۸۳۱
	H_o	۱/۰۰۰	۱/۰۰۰	۱/۰۰۰	۰/۷۶۰	۱/۰۰۰	۰/۷۶۰
	H_e	۰/۹۳۷	۰/۹۲۷	۰/۸۶۹	۰/۹۱۷	۰/۸۶۶	۰/۸۵۴
	F_{is}	-۰/۰۶۷	-۰/۰۷۹	-۰/۱۵۱	۰/۱۷۱	-۰/۱۵۵	۰/۱۱۰
	pHw	**	*	**	ns	**	*

N_a: تعداد الل، N_e: تعداد الل موثر، H_o: هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده، H_e: هتروزایگوسیتی مورد انتظار، F_{is}: ضریب درون‌آمیزی (مقادیر معنی‌دار به‌صورت پررنگ و زیر-خط‌دار مشخص هستند)، pHw: تست احتمال هاردی-واینبرگ (ns: عدم معنی‌داری، $P\leq0/05$*، $P\leq0/01$**، $P\leq0/001$***)

جدول ۳: میزان جریان ژنی (Nm) و تمایز (F_{st}) در سطح شش جایگاه ژنی مورد استفاده

جایگاه ژنی	LleA-071	LleC-090	Rser10	Ca3	MFW2	MFW17	میانگین
Nm	۱۷/۲۲۱	۸/۳۸۰	۵/۶۴۲	۲۷/۱۰۴	۵۶/۷۶۳	۱۱/۹۷۶	۲۱/۱۸۱
F_{st}	۰/۰۱۴	۰/۰۲۹	۰/۰۴۲	۰/۰۰۹	۰/۰۰۴	۰/۰۲۰	۰/۰۲۰

شکل ۱: چگونگی توزیع تنوع ژنتیکی مشاهده‌شده با معیار F_{st}

جدول ۴: آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) در R_{st}

	df	SS	MS	Est. var.	%	Stat	Value	Prob
بین جمعیت‌ها	۱	۹۱۷/۹۸۵	۹۱۷/۹۸۵	۱۵/۸۷۰	۱۷ درصد			
درون جمعیت‌ها	۱۰۴	۸۲۷۵/۳۲۶	۷۹/۵۷۰	۷۹/۵۷۰	۸۳ درصد	R_{st}	۰/۱۶۶	۰/۰۱

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

براساس معیار فاصله ژنتیکی Nei میزان شباهت ژنتیکی بین دو منطقه ۰/۶۸۲ و مقدار فاصله ژنتیکی ۰/۳۸۲ به‌دست آمد. دندروگرام UPGMA ترسیم شده براساس مقدار فاصله ژنتیکی نیز نشان داد که این دو منطقه در دو شاخه مجزا قرار دارند. هم‌چنین نتایج نشان داد که نشانگر ریزماهواره از توانایی بالایی برای نشان دادن میزان تنوع ژنتیکی در این ماهی برخوردار است.

بحث

تنوع ژنتیکی از تفاوت در توالی نوکلئوتیدهای DNA در بین افراد حاصل می‌شود و می‌توان آن را توسط نشانگرهای ژنتیکی اندازه‌گیری کرد (Utter، ۱۹۹۱). تنوع ژنتیکی یکی از سه سطح تنوع زیستی پیشنهادشده توسط سازمان حفاظت جهانی برای برنامه حفظ ذخایر است (Lucentini و همکاران، ۲۰۰۹). ریزماهواره‌ها نشانگرهای ژنتیکی هستند که به‌صورت گسترده در مطالعات ژنتیک جمعیت گونه‌های پرورشی و وحشی ماهیان استفاده می‌شوند (Liu و همکاران، ۲۰۰۹). این نشانگرها ارزش بالایی دارند، به‌طوری‌که علاوه بر فراوانی بالا در ژنوم تمام موجودات، تنوع قطعات تکرارشونده در آن‌ها بالاست که علت آن را می‌توان به نرخ بالای جهش در این نشانگرها نسبت داد و از طرفی، به‌دلیل هم‌بارز بودن، هتروزایگوسیتی و جهش را بهتر از سایر نشانگرها نشان می‌دهد (Liu و Cordes، ۲۰۰۴). متاسفانه اطلاعات راجع به تنوع ژنتیکی ماهی خیاطه در سطح مولکولی محدود می‌باشد و هم‌چنین این گونه فاقد جایگاه ژنی اختصاصی است. در این بررسی از شش جایگاه ژنی استفاده شد که همگی دارای چندشکلی بودند. هتروزایگوسیتی و تعداد الل‌ها جزو شاخص‌های مهم تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها از لحاظ رو به رو شدن با تغییرات محیطی هستند (Frankham، ۲۰۰۸) و ویژگی‌هایی هم‌چون قابلیت رقابت و توانایی یک موجود برای بقا در زیستگاه‌های طبیعی را تعیین می‌سازد (Hakansson و Jensen، ۲۰۰۵). هتروزایگوسیتی در مطالعه ساختار جمعیت گونه‌ها ارزش بسیار دارد، زیرا هر هتروزایگوت ناقل الل‌های متفاوتی بوده که نشان‌دهنده تنوع است (Diz و Presa، ۲۰۰۹). در این بررسی متوسط تعداد الل‌ها، هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار به‌ترتیب ۱۳/۷۵، ۰/۸۵۳ و ۰/۸۸۷ به‌دست آمد. در این بررسی، میانگین هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده در سطح جمعیت‌های مورد بررسی ۰/۸۵۳ به‌دست آمد، که نسبت به مقادیر مشاهده‌شده در ماهیان آب شیرین و رودکوچ (به‌ترتیب ۰/۴۶ و ۰/۶۸)(Dewoody و Avis، ۲۰۰۰) بالاتر است. میانگین تعداد الل‌ها در هر جایگاه برای ماهیان آب شور ۱۹/۹ گزارش شده‌است (Dewoody و Avis، ۲۰۰۰)، این درحالی است که

میانگین تعداد الل‌ها در شش جایگاه مورد استفاده در این بررسی پایین‌تر و عدد ۱۳/۷۵ به دست آمده است. تحقیقات نشان می‌دهند که غنای اللی برای ارزیابی تنوع نمونه‌ها نسبت به هتروزایگوسیتی مناسب‌تر است. هم‌چنین بالا بودن غنای اللی، نشان‌دهنده بالا بودن اندازه جمعیت موثر است (Diz و Presa، ۲۰۰۹) و به‌طورکلی، تعداد کم الل نشانه‌ای از تنگنای ژنتیکی است که در شرایط جمعیت وحشی، ممکن است به‌دلیل جدا شدن جمعیت و یا کاهش شدید اندازه موثر باشد (Ha و همکاران، ۲۰۰۹). در این بررسی جمعیت هر دو رودخانه در اکثر جایگاه‌ها انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را نشان دادند. ۹ نمونه از ۱۲ تست مورد بررسی به‌طور معنی‌داری ($P\leq$۰/۰۵) انحراف از تعادل نشان دادند، اما پس از به‌کار بردن ضریب تصحیح بونفرونی تنها ۵ نمونه انحراف معنی‌داری از تعادل داشتند ($P\leq$۰/۰۰۸۳). جایگاه Ca۳ کسری هتروزایگوسیتی بالایی را نشان داد. دلایل زیست‌شناختی این کسری به‌خوبی شناخته نشده است و عوامل زیادی هم‌چون اثر وهلاند، درون‌آمیزی، الل پوچ و به‌گزینی برای توضیح آن مطرح شده‌اند. جدا از دلایل بیولوژیک معمول در ایجاد کسری هتروزایگوسیتی، ریزماهواره‌ها به‌طور خاص مستعد این پدیده هستند (Diz و Presa، ۲۰۰۹). آنالیز واریانس مولکولی به‌عنوان یک آنالیز آماری وسیله مناسبی برای مشخص کردن ساختار جمعیت و میزان تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌هاست (Grassi و همکاران، ۲۰۰۴). نتایج آنالیز واریانس مولکولی براساس F_{st} نشان داد تنها دو درصد از تنوع مشاهده‌شده مربوط به بین جمعیت‌هاست و از نظر فراوانی اللی تفاوت معنی‌داری ($P>$۰/۰۵) میان مناطق مشاهده نشد. F_{st} به‌دست آمده براساس فراوانی (۰/۰۲۰) و براساس آنالیز واریانس مولکولی (۰/۰۲۰) پایین است که نشان‌دهنده تمایز بسیار پایین بین جمعیت‌هاست. براساس معیار Wright (۱۹۸۷) مقادیر F_{st} بین ۰/۰۵-۰ نشان دهنده تمایز پایین میان نمونه‌هاست. با توجه به این‌که R_{st}، از اطلاعات مزبور به اندازه اللی استفاده می‌کند و وابسته به جهش نیست می‌تواند داده‌های بیولوژیک مناسب‌تری را نسبت به معیار F_{st} فراهم کند (Balloux و Moulin، ۲۰۰۲).

کم بودن تنوع بین جمعیتی و شاخص‌های تمایز، نشان دهنده وجود جریان ژنی بالا در بین جمعیت‌هاست (Pinera و همکاران، ۲۰۰۷). بالاتر بودن تنوع درون جمعیتی نسبت به بین جمعیتی نشان می‌دهد که در بین جمعیت‌های مختلف ساختار ژنتیکی بارزی وجود ندارد (Diz و Presa، ۲۰۰۹).

طبق پیراسنجه‌های عنوان‌شده توسط Thorp (۱۹۸۲) که مقدار شباهت ژنتیکی را براساس سطوح فیلوژنی مختلف در شاخه مهره‌داران محاسبه کرد، برای جمعیت‌هایی که به گونه‌های مشابه تعلق دارند، شباهت ژنتیکی بین ۰/۹۰-۰/۸۰، و در گونه‌های متعلق به جنس‌های مشابه بین ۰/۸۵-۰/۳۵ قرار دارد که مقدار به‌دست آمده در این بررسی (۰/۶۸۲) در محدوده گونه‌های متعلق به جنس‌های مشابه قرار دارد. نتایج این بررسی حاکی از وجود جریان ژنی بالا بین رودخانه‌های مورد بررسی است. در بررسی مقادیر فاصله و شباهت ژنتیکی نیز فاصله ژنتیکی نسبتاً پایینی بین مناطق مورد بررسی مشاهده شد. در صورت عدم جریان ژنی و یا جریان ژنی اندک بین جمعیت‌ها انتظار می‌رفت تمایز ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای بین آن‌ها ایجاد گردد.

با توجه به نتایج این تحقیق، به‌نظر می‌رسد تنوع ژنتیکی مناطق مورد بررسی در حد قابل قبولی قرار دارد. با وجود این، ایجاد تدابیری درخصوص حفظ و تقویت تنوع مشاهده‌شده ضروری به‌نظر می‌رسد تا از دست رفتن تمایز ژنتیکی بین نمونه‌های مناطق مورد بررسی اتفاق نیفتد. در این خصوص بهترین روش، احیای محل‌های تخم‌ریزی طبیعی این گونه یعنی رودخانه‌ها می‌باشد، زیرا دخالت بی‌رویه انسان در رودخانه‌ها (ایجاد سد بر روی رودخانه‌ها در راستای توسعه صنعت و کشاورزی، احداث کارگاه‌های تکثیر و پرورش ماهی در حاشیه رودخانه، برداشت بی‌رویه شن و ماسه از بستر و حاشیه رودخانه) صدمات جبران ناپذیری را به گونه‌های رودخانه‌ای وارد می‌سازد. از آن‌جایی‌که ماهی خیاطه کم‌تر از گونه‌های دیگر مورد مطالعه قرار گرفته است نیاز به مطالعات بیش‌تر در زمینه ژنتیک جمعیت این ماهی می‌باشد.

منابع

۱. **احمدی، س.ا.؛ وثوقی، ع.؛ وطن‌دوست، ص.؛ قلیچی،ا. و صیدانلو، ز.، ۱۳۹۰.** برخی خصوصیات ساختار جمعیت ماهی خیاطه در سرشاخه‌های اصلی رودخانه تالار استان مازندران. مجله شیلات دانشگاه آزاد اسلامی واحد آزادشهر. دوره ۵، شماره ۲، صفحات ۶۵ تا ۸۰.

۲. **رحمانی، ح.، ۱۳۸۵.** پویایی‌شناسی جمعیت و تنوع ژنتیکی ماهی شاه‌کولی *Chalcaburnus chalcoides* در رودخانه‌های هراز، شیرود و گزافرود. رساله دکتری، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان. ۱۰۲ صفحه.

۳. **عبدلی، ا.، ۱۳۷۸.** ماهیان آب‌های داخلی ایران. انتشارات موزه طبیعت و حیات وحش ایران، تهران. ۳۷۷ صفحه.

۴. **عزیزی، ف؛ خوش‌خلق، م.ر.؛ رحمانی، ح.؛ ستاری، م. و انوری‌فر، ح.، ۱۳۸۹.** بررسی اثر سد بر تنوع و تمایز ریخت سنجی ماهی خیاطه در رودخانه تجن ساری. اولین همایش ملی علوم آبزیان، دانشگاه آزاد اسلامی واحد بوشهر.

5. **Balloux, F. and Moulin, N., 2002.** The estimate of population diffrention with microsatellite markers. Molecular Ecology. Vol.11, pp: 155-165.

6. **Bassam, B.J.; Caetano-Anolles, G. and Gresshoff, G.M., 1991.** Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Annual Biochemistry. Vol. 84, pp: 680-683.

7. **Bataillon, T.M.; David, J.L. and Schoen, D.J., 1996.** Neutral genetic markers and conservation: simulated germplasm collections. Genetics. Vol. 144, pp: 409-417.
8. **Bogtskaya, N.G., 1997.** Contribution of the knowledge of lencicsine fishes of Asia Minor. Mittehlungen aus dem Hamburghschen Zoologischen Museum und Institute. Vol. 94, pp: 161-186.
9. **Crooijmans, R.P.M.A.; Bierbooms, V.A.F.; Komen, J.; Van der poal, J.J. and Groenen, M.A.M., 1997.** Microsatellite markers in common carp *Cyprinus carpio* L. Animal genrtics. Vol. 28, pp: 129-134.
10. **Dewoody, J.A. and Avise, J.C., 2000.** Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. Fish biology. Vol. 56, pp: 461-473.
11. **Diz, P.A. and Presa, P., 2009.** The genetic diversity pattern of *Mytilus alloprovincial*is in Galician Rías (NW Iberian estuaries). Aquaculture. Vol. 287, pp: 278-285.
12. **Dubut, V.; Sinama, M.; Martin, J.F.; Meglecz, E.; Fernandez, J.; Chappaz, R.; Gilles, A. and Costedoat, C., 2010.** Cross-species amplification of 41 microsatellites in European Cyprinids: A tool for evolutionary, population genetics and hybridization studies. BMC Research Notes. Vol. 3, 135 p.
13. **Frankham, R., 2008.** Genetic adaptation to captivity in species conservation programs. Molecular Ecology. Vol. 17, pp: 325-333.
14. **Goudet, J., 2001.** FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Retrieved from http://www2.unil.ch/popgen/ softwares/fstat.htm.
15. **Grassi, F.; Imazio, S.; Gomarasca, S.; Citterio, S.; Aina, R.; Sgorbati, S.; Sala, F.; Patrignani, G. and Labra, M., 2004.** Population structure and genetic variation within *Valeriana wallrothii* Kreyer in relation to different ecological locations. Plant Science. Vol. 166, pp: 1437-1441.
16. **Ha, H.P.; Nguyen, T.T.; Poompuang, S. and Na-Nakorn, U., 2009.** Microsatellites revealed no genetic differentiation between hatchery and contemporary wild populations of striped catfish, *Pangasianodon hypophthalmus* (Sauvage 1878) in Vietnam. Aquaculture. Vol. 291, pp: 154-160.
17. **Hakansson, J. and Jensen, P., 2005.** Behavioural and morphological variation between captive populations of red junglefowl (*Gallus gallus*) possible implications for conservation. Biological Conservation. Vol.122, pp. 431-439.
18. **Hillis, D.M.; Mable, B.K.; Larson, A.; Davis, S.K. and Zimmer, E.A., 1996.** Nucleic Acids IV: sequencing and cloning. In: Molecular systematics (eds. Hillis DM, Mortiz C, Mable BK). pp: 321-384.
19. **Lin, Y.S.; Poh, Y.P.; Lin, S.M. and Tzeng, C.S., 2002.** Molecular techniques to identify freshwater eels. Zoological Studies. Vol. 41, pp: 421-430.
20. **Liu, Z. and Cordes, J.F., 2004.** DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. Aquaculture. Vol. 238, pp: 1-37.
21. **Liu, F.; Xia, J.H.; Bai, Z H.; Fu, J.J.; Li, J.L. and Yue, G.H., 2009.** High genetic diversity and substantial population differentiation in grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) revealed by microsatellite analysis. Aquaculture. Vol. 297, pp: 51-56.
22. **Lucentini, L.; Palomba, A.; Lancioni, H.; Gigliarelli, L.; Sgaravizzi, G.; Natali, M. and Panara, F., 2009.** Temporal changes and effective population size of an Italian isolated and supportive-breeding managed northern pike (*Esox Lucius*) population. Fisheries Research. Vol. 96, pp: 139-147.
23. **Kirpichnikov, V.S., 1972.** Methods and effectiveness of Rop-sha carp breeding. Russian Journal of Genetics. Vol. 8, No. 1, pp: 65-72.
24. **Nei, M., 1972.** Genetic distance between populations. American Naturalist. Vol. 106, pp: 283- 92.
25. **Peakall, R. and 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. **Pinera, J.A.; Blanco, G.; Vázquez, E. and Sánchez, J.A., 2007.** Genetic diversity of black spot seabream (*Pagellus bogaraveo*) populations Spanish Coasts: a preliminary study. Marin Biology. Vol. 151, pp: 2153-2158.
27. **Pujolar, J.M.; Deleo, G.A.; Ciccotti, E. and Zane, L., 2009.** Genetic composition of Atlantic and Mediterranean of European eel *Anguilla Anguilla* based on EST-linked microsatellite loci. Journal of Fish Biology. Vol. 74, pp: 2034-2046.
28. **Raymond, M. and Rousset, F., 1995.** GENEPOP (Version 1.3): Population genetic software for exact tests and ecumenicisim. Heredity. Vol. 86, pp: 248-249.
29. **Rothe, U., 2008.** Der Shneider *Alburnoides bipunctatus* (Bloch, 1782) erstmal in Brandenbug nachgewiesen. Zoosystematics and Evolution. Vol. 78, No. 1, pp: 183-185.
30. **Sambrook, J.; Fritsch, E.F. and Maniatis, T., 1989.** Electrophoresis of RNA through gels containing formaldehyde. In: Molecular cloning: A laboratory manual. (eds. Ford N, Nolan C, Fregusen, M.). Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York. pp: 743-745.
31. **Thorp, J.P., 1982.** The molecular clock hypothesis: Biochemical evolution, genetic differentiation and systematic. Annual Review of Ecology and Systematics. Vol. 13, pp: 139-168.
32. **Utter, F.M., 1991.** Biochemical genetics and fishery management: an historical perspective. Journal of Fish Biology. Vol. 39, pp: 1-20.
33. **Verspoor, E. and Jordan, W.C., 1989**. Genetic variation at the Me-2 locus in the Atlantic salmon within and between rivers: evidence for its selective maintenance. Fish Biology. Vol. 35, pp: 205-213.
34. **Wright, S., 1987.** Evolution and the genetics of populationsvariability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago. Vol. 4.
35. **Yeh, F.C.; Yang, R.C. and Boyle, T., 1999.** POPGENE version 1.3.1. Microsoft Window-bases Freeware for population Genetic Analysis. Retrieved from: www.uallberta.ca/fyeh/. University of Alberta and the Centre for International Forestry Research.