

بررسی مولکولی جمعیت ماهی سیاه کولی خزری *Vimba vimba persa* (pallas, 1814) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره در استان گیلان واقع در جنوب دریای خزر

سمیرا محمدیان^{*}، سهراب رضوانی گیل کلانی^۲، محمد کاظمیان^۱، ابوالقاسم کمالی^۱، شقایق روح‌الهی^۳،

محمدجواد تقوی^۴ و فرامرز لالویی^۴

^۱ دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران، ایران

^۲ موسسه تحقیقات شیلات ایران، تهران، ایران

^۳ دانشکده علوم دریایی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، ایران

^۴ پژوهشکده اکولوژی دریای خزر، ساری، ایران

(تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۴/۳۰، تاریخ تصویب: ۱۳۸۹/۱۲/۲۰)

چکیده

جمعیت ماهی سیاه کولی دریای خزر (*Vimba vimba persa*) در دو منطقه از سواحل جنوبی دریای خزر (تالاب انزلی و رودخانه حویق واقع در استان گیلان) با استفاده از ده نشانگر ریزماهواره پلی مورف مورد مطالعه قرار گرفت. در مجموع ۱۵۳ الل مورد شناسایی گردید. بیشترین تعداد الل‌های مشاهده شده ۱۷ الل در جایگاه CA3 و کمترین آن ۳ الل در جایگاه Z8145 بوده که میانگین اللی در هر جایگاه ۷/۶ بدست آمد. میانگین هتروزایگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به ترتیب ۰/۷۹ و ۰/۷۶ بود. بیشتر مناطق انحراف از تعادل هاردی - واینبرگ را نشان دادند. مقادیر محاسبه شده Fst در سطح معنی داری ($p \leq 0.01$)، دو جمعیت از ماهی سیاه کولی خزری در سواحل جنوبی دریای خزر را نشان داد. بنابراین مدیریت برای حفاظت این گونه، برداشت پایا و بازسازی ذخایر با در نظر گرفتن حفظ تنوع ژنتیکی توصیه می‌شود.

واژه‌های کلیدی: سیاه کولی خزری *Vimba vimba persa*، ژنتیک جمعیت، ریزماهواره، دریای خزر

مقدمه

جهت بهره برداری پایدار از ذخایر ارزشمند زیستی، نیاز به شناخت کافی از وضعیت ذخایر گونه‌ها، نژادها و جمعیت‌های متعدد آنها می‌باشد تا اعمال مدیریت بهره برداری در جهت کمک به حفظ ذخایر، رهاسازی اصولی بچه ماهی‌ها و کاهش فشار صیادی بر اساس اصول علمی بنا گردد (رضوانی گیل کلائی و همکاران، ۱۳۸۸). بنابراین جهت تحقق اهداف مدیریتی، مطالعات مولکولی جمعیت روی ماهی‌ها انجام می‌گیرد (Park and Moran, 1995; Allenford *et al.*, 1987). بررسی مولکولی جمعیت‌ها وابسته است به وجود نشانگرهای پلی مورفی که تاثیر پذیری از محیط نداشته باشند. از جمله این نشانگرها، نشانگرهای DNA ریزماهوره هستند که سطوح بالایی از پلی مورفیسم را نشان می‌دهند (Zhao *et al.*, 2005)، این نشانگرها 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 (Neigel, 1997; Beacham *et al.*, 2000; Ward *et al.*, 2001; Salini, *et al.*, 2004). با توجه به کاهش چشمگیر ذخایر سیاه کولی دریای خزر (*Vimba vimba persa*)، این گونه طبق طبقه‌بندی IUCN¹ یکی از ذخایر در معرض تهدید دریای خزر اعلام شده است (Kiabi *et al.*, 1999). تحقیق حاضر از اولین تحقیقاتی است که در ایران با استفاده از تکنیک‌های پیشرفته ژنتیکی (ریزماهوره) در خصوص ماهی سیاه کولی خزری (*Vimba vimba persa*) انجام شده است و هدف از این تحقیق مطالعه‌ی مولکولی ژنتیکی جمعیت‌های احتمالی مربوط به گونه‌ی سیاه کولی در دریای خزر و همچنین معرفی نشانگرهای ژنتیکی مربوطه می‌باشد.

مواد و روش‌ها

تعداد ۶۱ نمونه از ماهی سیاه کولی خزری، شامل ۴۳ نمونه از تالاب انزلی و ۱۸ نمونه از مصب رودخانه حویق واقع در استان گیلان با استفاده از صید پره جمع‌آوری شد. ۲ تا ۳ گرم از بافت باله پستی نمونه‌های جمع‌آوری شده و در تیوب‌های اپندرف ml ۱/۵ حاوی اتانل ۷۶٪ نگهداری و جهت انجام مطالعات به آزمایشگاه بیوتکنولوژی پژوهشکده دریای خزر واقع در شهر ساری منتقل شد. در آزمایشگاه DNA ژنومی نمونه‌ها از بافت باله پستی با استفاده از روش فنل - کلروفورم (Hillis and Moritz, 1990) استخراج گردید. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از بیوفتومتر و الکتروفورز ژل آگارز ۱ درصد تعیین و سپس در دمای ۲۰- درجه سانتیگراد تا زمان استفاده نگهداری شد. با توجه به اینکه آغازگرهای اختصاصی ریزماهوره این گونه در بانک ژنی (GenBank) وجود ندارد از ۱۷ جفت آغازگر ریزماهوره ای اختصاصی گونه‌های متعلق به خانواده کپورماهیان استفاده شد. مشخصات آغازگرهای ریزماهوره ای پلی مورف مورد استفاده شامل توالی پرایمر، شماره بانک ژنی و دمای اتصال آغازگرهای در جدول ۱ آورده شده است.

1- International Union for Conservation of Natural Resources

جدول ۱- جایگاه و شماره دسترسی به بانک ژنی آغازگرهای پلی مورف

شماره بانک ژنی	دماي اتصال	توالی آغازگر	جایگاه
AF277575	۵۲	GGACAGTGAGGGACGCAGAC TCTAGCCCCCAAATTTTACGG	CA3
AF277579	۵۸	ACACGGGCTCAGAGCTAGTC CAAATGTCAGGAGTTCTCCGA	CA7
AY318777	۵۶	CACGGGACAATTTGGATGTTTAT AGGGGGCAGCATAACAAGAGACACTA	Lco1
AY318779	۶۲	GCAGGAGCGAAATCATAAAT AAACAGGCAGGACACAAA	Lco3
AB112736	۵۳	CTCCTGATTCTTTGTCTGACT TTATTATTTCCCTGTGGTGATTG	Lid-11
AB112738	۵۴	TTCCAGCTCAACTCTAAAGA GCACCATGCAGTAACAAT	Rru-2
G40277	۵۴	CTCCTGATTCTTTGTCTGACT TTATTATTTCCCTGTGGTGATTG	Z21908
G40625	۵۵	TTCCAGCTCAACTCTAAAGA GCACCATGCAGTAACAAT	Z8145
Shimoda <i>et al.</i> , 1999	۵۶	CTCCTGATTCTTTGTCTGACT TTATTATTTCCCTGTGGTGATTG	Z7,8
Shimoda <i>et al.</i> , 1999	۶۴	TTCCAGCTCAACTCTAAAGA GCACCATGCAGTAACAAT	Z9,10

(HWE) فاصله و شباهت ژنتیکی (Nei, 1978)، مقدار Fst که در توصیف تمایز جمعیت استفاده می‌شود و جریان ژنی (Nm) با استفاده از نرم افزار ژنتیک Gene Alex 6.2 محاسبه گردید (Peakall and Smous, 2005).

نتایج

در این بررسی با توجه به نتایج الکتروفورز محصول ناشی از ۱۷ جفت آغازگر، ده جفت آغازگر باندهای پلی مورف و سه جفت آغازگر (Lco5, Lid1, MFW2) باندهای مونومورف تولید کردند. بر اساس نتایج بدست آمده حداکثر تعداد ال‌ها در دو منطقه نمونه‌برداری در جایگاه CA3 با 16 ال و حداقل آن در جایگاه Z8145 با ۳ ال دیده شد. با توجه به جدول ۲ حداکثر فراوانی الی در نمونه‌های منطقه تالاب انزلی ۰/۶۱۶ مربوط به جایگاه Z8145 و حداقل آن ۰/۰۱۲ در جایگاه‌های CA3, CA7 و Z7,8 بوده است، همچنین حداکثر فراوانی الی در نمونه‌های رودخانه حویق

جهت انجام PCR و تکثیر ژن هدف، ۱۰۰ نانوگرم DNA استخراجی، ۱ میکرولیتر از پرایمرها (30 پیکومول) بعلاوه ۰/۵ میکرولیتر dNTP (۱۰ میلی مولار)، ۰/۲ میکرولیتر آنزیم Taq Polymerase DNA (۵۰/۵)، ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (۱۰X)، ۰/۸ میکرولیتر MgCl₂ (۵۰ میلی مولار) استفاده شد که در نهایت حجم آن با آب مقطر به ۲۵ میکرولیتر رسانده، چند ثانیه سانتیفریژ و تیوپ‌ها در ترموسایکلر (PCR) قرار گرفتند. محصول PCR با استفاده از ژل پلی آکریل آمید ۸ درصد به مدت ۳ ساعت با ولتاژ 150 W به همراه مارکر DNA (pBR322 DNA/AluI Marker,) DNA (20, MBI Fermentas) الکتروفورز شده و قطعات حاصل از PCR روی ژل با استفاده از نیتراژ نقره رنگ شد، سپس جهت سنجش وزن مولکولی محصول PCR بر حسب جفت باز (bp) و تعیین ژنوتیپ‌ها از نرم افزار UVDuc استفاده گردید. جهت بررسی تنوع الی، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و مشاهده شده (Ho)، تعادل هاردی - واینبرگ

در ۰/۶۵ در جایگاه Lco3 و حداقل آن ۰/۰۱۷ در جایگاه‌های CA3, Rru-2 و Z21908 بدست آمد.

جدول ۲- فراوانی ال‌ها در جایگاه‌های مورد بررسی و مناطق نمونه‌برداری

جایگاه	حداکثر		حداقل	
	تالاب انزلی	رودخانه حویق	تالاب انزلی	رودخانه حویق
Ca3	۰/۱۶۳	۰/۱۵۰	۰/۰۱۲	۰/۰۱۷
Ca7	۰/۳۶۰	۰/۲۰۰	۰/۰۱۲	۰/۱۰۰
Lco1	۰/۲۲۱	۰/۳۵۰	۰/۰۲۳	۰/۰۵۰
Lco3	۰/۴۷۷	۰/۶۵۰	۰/۰۹۳	۰/۰۵۰
Lid11	۰/۲۳۳	۰/۰۱۲	۰/۰۳۵	۰/۰۳۳
Rru2	۰/۱۹۱	۰/۴۳۳	۰/۰۲۳	۰/۰۱۷
Z21908	۰/۳۰۲	۰/۴۶۷	۰/۰۲۳	۰/۰۱۷
Z8145	۰/۶۱۶	۰/۶۰۰	۰/۰۵۸	۰/۱۳۳
Z78	۰/۳۱۴	۰/۳۰۰	۰/۰۱۲	۰/۱۰۰
Z910	۰/۲۶۷	۰/۳۰۰	۰/۲۳	۰/۱۰۰

جدول ۳- مقادیر هتروزایگوسیتی مشاهده شده (Ho) و مورد انتظار (He)، ال‌های واقعی (Na) و موثر (Ne) در ده جایگاه ریزماهوره پلی مورفیسم در مناطق نمونه‌برداری

جایگاه	منطقه نمونه‌برداری							
	رودخانه حویق				تالاب انزلی			
	Ho	He	Na	Ne	Ho	He	Na	Ne
CA3	۰/۸	۰/۹	xxx۱۲	۱۰	۰/۷	۰/۹	۱۶	xx۱۱/۲۴
CA7	۰/۶	۰/۸	x۷	۶.۴۹۸	۰/۴	۰/۷	۸	xxx۴/۲۷
Lco1	۰/۸	۰/۷	xx۶	۴.۰۸۲	۰/۶	۰/۸	۹	xxx۶/۴۰۹
Lco3	۰/۶	۰/۵	۴	۲.۰۴۱	۰/۷	۰/۶	۴	ns۲/۹۹۴
Lid-11	۱	۰/۷	xxx۶	۳.۹۰۵	۰/۹	۰/۸	۱۱	x۶/۷۹۸
Rru-2	۰/۸	۰/۷	x۷	۳.۵۵۷	۰/۹	۰/۸	۹	xxx۵/۷۲۴
Z21908	۰/۲	۰/۵	x۳	۲.۲۲۸	۰/۱	۰/۵	۳	xxx۲/۰۴۴
Z8145	۱	۰/۸	xxx۶	۵.۱۱۴	۱	۰/۸	۸	xxx۵/۱۳۶
Z7,8	۱	۰/۷	xxx۷	۴.۷۲۴	۱	۰/۸	۱۰	xxx۶/۱۱۲
Z9,10	۱	۰/۷	ns۶	۳.۳۹۶	۱	۰/۸	۱۱	xx۸/۴۴۳
میانگین	۰/۸	۰/۷	۶/۴	۴/۵	۰/۷	۰/۷	۸/۹	۵/۹

*** اختلاف با احتمال خطای کمتر از ۰/۱ درصد ($P < 0.001$) بسیار معنی دار است. * اختلاف با احتمال خطای کمتر از ۱ درصد ($P < 0.01$) معنی دار است. * اختلاف با احتمال خطای کمتر از ۵ درصد ($P < 0.05$) معنی دار است. ns معنی دار نیست.

این امکان وجود دارد که در آزمایشات گوناگون با تعداد نمونه‌های متفاوت تعداد ال‌های واقعی مختلفی برای یک جایگاه معین به دست می‌آید وجود حداقل تعداد ۳۰ نمونه می‌تواند تعداد ال‌های واقعی را در بررسی‌های ریزماهوره نشان دهد (Goldstein and Scholotter, 1999; Silva and Russo, 2000; Peakall and Smous., 2005). میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در نمونه‌های رودخانه حویق بیشتر از نمونه‌های تالاب انزلی می‌باشد که می‌تواند تا حدودی بیانگر بالا بودن تنوع در این ناحیه نسبت به جمعیت تالاب انزلی باشد، که احتمالاً می‌توان بروز چنین اختلافی را به علت کاهش فشار صید در رودخانه حویق و مهیا شدن فرصت بیشتر جهت تکثیر طبیعی دانست. فاکتور Fst بیان‌کننده توصیف تمایز جمعیت در سطوح مختلف ساختار ژنتیکی می‌باشد. با توجه به گزارش Wright در سال ۱۹۷۸ هرگاه میزان Fst بدست آمده کمتر از ۰/۰۵ باشد نشان‌دهنده وجود تمایز کم، مقدار بین ۰/۰۵ تا ۰/۱۵ نشان‌دهنده تمایز متوسط، مقدار بین ۰/۱۵ تا ۰/۲۵ نشان‌دهنده تمایز خیلی بالا را در بین جمعیت‌ها می‌باشد، نمونه‌هایی که از نظر جغرافیایی نزدیکتر هستند، از نظر ژنتیکی نیز شباهت بیشتری دارند تمایز ژنتیکی بررسی شده با توجه به مکان جغرافیایی نزدیک معنی دار بود از این رو نتایج نشان می‌دهد که دو مکان جغرافیایی نشان‌دهنده دو جمعیت مجزا از هم هستند. از آنجاییکه پدید آمدن گونه‌های جدید منوط به افزایش اختلافات ژنتیکی میان جمعیت‌های جدا یا نسبتاً جدا از یکدیگر می‌باشد، بنابراین به طور قطع می‌توان میان پارامترهایی نظیر جریان ژنی، فواصل جغرافیایی و گونه‌زایی ارتباط برقرار نمود (Beacham et al., 2004). میزان جریان ژنی (Nm) به تعداد مولدین مهاجر از یک منطقه به منطقه دیگر اطلاق می‌شود که هرچه این میزان بین دو منطقه بیشتر باشد به این معنی است که مهاجرت در بین دو منطقه

جدول ۳ نشان می‌دهد که بیشترین تعداد ال‌های موثر و ال‌های مشاهده شده در نمونه‌های منطقه تالاب انزلی به ترتیب ۱۱/۲۴ و ۱۶ و کمترین آن ۲/۰۴۴ و ۳ بود. در نمونه‌های رودخانه حویق نیز بیشترین تعداد ال‌های موثر و ال‌های مشاهده شده به ترتیب ۱۰ و ۱۲ و کمترین آن ۲/۰۴۱ و ۳ بود. همانگونه که جدول نشان می‌دهد در تمامی مناطق نمونه‌برداری و برای تمام جایگاهها مقدار Ne از Na کمتر می‌باشد. دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین مناطق نمونه‌برداری در ده جایگاه بین ۰/۱۰ تا ۱/۰۰۰ بود. دامنه هتروزیگوسیتی مورد انتظار در مناطق نمونه‌برداری بین ۰/۵۱۰ تا ۰/۹۱۱ بود. بیشترین مقدار هتروزیگوسیتی مورد انتظار در نمونه‌های رودخانه حویق مشاهده شده است.

بجز جایگاه Lc03 در نمونه‌های تالاب انزلی و رودخانه حویق و Z9,10 در رودخانه حویق خروج از تعادل هاردی-واینبرگ در همه ی جایگاهها ($p \leq 0.01$) دیده شد (جدول 3). مقدار Fst بین نمونه‌های تالاب انزلی و رودخانه حویق به ترتیب ۰/۰۵۲ و ۰/۰۳۳ با جریان ژنی ($Nm=4/52$) محاسبه گردید. محاسبه ی ماتریس فواصل و شباهت ژنتیکی با استفاده از معیار فاصله ژنتیکی (Nei (1978) نشان داد که فاصله ژنتیکی و شباهت ژنتیکی بین نمونه‌های منطقه تالاب انزلی و رودخانه حویق بترتیب ۰/۲۴۷ و ۰/۷۸۱ می‌باشد.

بحث و نتیجه‌گیری

در این بررسی تنوع ژنتیکی سیاه کولی خزری *Vimba vimba persa* در ده جایگاه ریزماهوره در منطقه تالاب انزلی و رودخانه حویق واقع در استان گیلان مورد مطالعه قرار گرفت. براساس نتایج بدست آمده، میانگین تعداد ال‌های مشاهده شده در ۶۳ نمونه جمع‌آوری شده از مناطق مورد مطالعه ۷/۶ بوده که این مقدار به شدت تحت تاثیر تعداد نمونه‌ها می‌باشد. قابل ذکر است به همین جهت

قرار است در آینده برنامه‌های مدیریتی جهت حفاظت از این گونه صورت پذیرد، باید به ساختار جمعیت‌های محلی توجه شود.

به عنوان نتیجه‌گیری نهایی می‌توان بیان نمود که گونه‌ی *Vimba vimba persa* واقع در تالاب انزلی و رودخانه حویق دو جمعیت متمایز از هم را تشکیل می‌دهند و به عنوان گونه وحشی همچنان تنوع ژنتیکی خود را در حد بالا حفظ نموده‌اند. فعالیت‌های بازسازی ذخایر در این گونه ضروری است و با توجه به مستقل بودن ذخایر هر یک از جمعیت‌های تالاب انزلی و رودخانه حویق پیشنهاد می‌شود در آینده جهت انجام برنامه‌های رهاسازی، بچه ماهی‌های هر رودخانه از مولدین مهاجر به همان رودخانه تولید گردند و رهاسازی شوند، که این بررسی اطلاعات مفیدی را در این زمینه فراهم نموده است. همچنین این مطالعه نشان داد که می‌توان از نشانگرهای ریز ماهواره در گونه‌هایی با خویشاوندی نزدیک استفاده نمود.

سپاسگزاری

از موسسه تحقیقات شیلات ایران جهت تامین منابع مالی، تجهیزات و امکانات آزمایشگاهی، پژوهشکده اکولوژی دریای خزر و دکتر پورغلام رئیس پژوهشکده اکولوژی دریای خزر به خاطر در اختیار قرار دادن آزمایشگاه و فراهم نمودن امکانات اقامتی و از همکاری خانم محجوبه نیرانی در آزمایشگاه و آقایان کر و طالشیان در جمع‌آوری نمونه‌ها تشکر و قدردانی می‌گردد.

بیشتر است و اختلاف ژنتیکی کمتر و میزان تنوع ژنتیکی در دو منطقه بیشتر می‌شود (Rezvani Gilkolaei, 2009; Beacham *et al.*, 2004). بر اساس گزارش Li در سال ۲۰۰۷ هرگاه $Nm > 1$ باشد جریان ژنی اصلی ترین عامل در ایجاد تمایز ژنتیکی است و هرگاه $Nm < 1$ باشد رانش ژنی عامل اصلی ایجاد تمایز ژنتیکی می‌شود از این رو نتایج حاضر نشان دهنده اینست که عامل ایجاد تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها جریان ژنی به میزان $4/52$ بوده و علت وجود تنوع ژنتیکی بالا در بین این گونه را می‌توان وجود جریان ژنی در بین جمعیت‌ها دانست. در بررسی تعادل هاردی-واینبرگ، هر دو منطقه در بیشتر جایگاه‌ها انحراف از تعادل را نشان دادند ($P < 0.001$). Israel *et al.* (2004). عدم تعادل معنی دار را به دلیل وجود ذخایر متعدد دانستند که این اطلاعات نشان دهنده وجود یک یا چند جمعیت تخم ریز است، Zhao *et al.* (2005). این انحراف را ناشی از وجود الل‌های صفر که پهلوگیری در آنها صورت نمی‌پذیرد، Shao *et al.* (2002). مهاجرت ماهیان مولد و وجود آمیزش‌های خویشاوندی در بین گونه و Dahle *et al.* (2006). انحراف از تعادل را ناکافی بودن تعداد نمونه‌ها و خطای نمونه‌برداری اعلام داشتند. در این مطالعه خروج از تعادل را میتوان به دلیل استفاده از آغازگرهای غیر اختصاصی، وجود الل‌های صفر، تعداد کم نمونه‌ها و خطای نمونه‌برداری دانست.

هدف اصلی در حفاظت یک گونه نگهداری تنوع ژنتیکی در آن است، سازگاری و بقا یک گونه زمانی حفظ می‌شود که تنوع ژنتیکی موجود از بین نرود (Meffe and Carool, 1997)، اگر برنامه‌های مدیریتی جهت رها سازی یک گونه تمامیت ژنتیکی افراد را مورد توجه قرار دهد در این صورت یک جمعیت حفظ می‌شود. اما استفاده از سایر جمعیت‌ها می‌تواند تمایز ژنتیکی را تهدید نماید. این بررسی نشان‌دهنده‌ی وجود جمعیت‌های مجزا می‌باشد، از اینرو اگر

References

- Allendorf, F., Ryman, N. and Utter, F. 1987. Genetics and fishery management. University of Washington. Wasington.
- Beacham, T.D., Pollard, S., Le, K.D. 2000. Microsatellite DNA population structure and stock identification of steelhead trout (*Oncorhynchus mykiss*) in the Nass and Skeena rivers in Northern British Columbia. Marine Biotechnology. 2: 587-602.
- Beacham, T.d., McIntosh, M. and MacConnachie., C. 2004. Population structure of lake-type and river-type sockeye salmon in Transboundary rivers of northern British Columbia. Journal of Fish. Biology, 65: 389-402.
- Dahle, G., Jorstad, K. E., Rusaas, H. E. and Ottera, H. 2006. Genetic characteristics of brood stock collected from four Norwegian coastal cod (*Gadus morhua*) populations. ICES Journal of Marine Science. 63, 209-215.
- Goldstein, D.B. and Schlotterer, C. 1999. Microsatellites: Evolution and Applications. Oxford University Press, New York, 368 p.
- Hillis, D. M. and Moritz, C. 1990. Molecular taxonomy, Sinauer associate, publishers. Massachusetts. 588 pp
- Israel, J., Cordes, J. F., Blumberg, M. A and May, B. 2004. Geographic pattern of genetic differentiation among collections of green sturgeon, North America Journal of Fisheries Management. 24: 922-931.
- Kiabi, B.H., Abdoli, A., and Naderi, M. 1999. Status of the fish fauna in the south Caspian basin of Iran. Journal of Zoology in the Middle East, 18: 57-65.
- Li, D., Kang, D., Yin, Q., Sun, Z. and Liang, L. 2007. Microsatellite DNA Marker Analysis of Genetic Diversity in Wild Common Carp (*Cyprinus carpio* L.) Populations. Genetics and Genomics, 34: 984-993.
- Meffe, G. K., and Carroll, C. R. 1997. Genetic conservation of diversity within species in principles of conservation biology, eds. G. K. Meffe C. R. Carrol, pp. 161-21. Sunderland, Ma: Sinauer Associates, Inc: Publisher.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 89: 583-590.
- Neigel, J.E. 1997. A comparison of alternative strategies for estimating gene flow from genetic markers. Annual Review of Ecology and Systematic, 28: 105-128.
- Park, L.K. and Moran, P. 1995. Developments in molecular genetic techniques in fisheries. Molecular Genetics in Fisheries. London.
- Peakall, R., Smouse, P. E., 2006. Gene Alex 6: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology and Systemic. 28: 105-128.
- Rezvani Gilkolaei. K., Salari Aliabadi, M. A., Zolgharnain, H., Nabavi, S.M.B. 2009. Population genetic structure of Cobia, *Rachycentron canadum* revealed by microsatellite markers. Iranian journal of Fisheries science, 3:61-69.
- Salini, J.P., Milton, D.A., Rahaman, M.J., Hussein, M.G. 2004. Allozyme and morphological variation throughout the geographic range of the tropical shad, *hilsa Tenualosa ilisha*. Fish Research. 66: 53-69
- Shao, ZJ., Zhao, N., Zhu, B., Zhou, FL., Chang, JG. 2002. Application of microsatellite primers developed from shovelnose sturgeon in Chinese sturgeon. Acta Hydrobiologica Sinica, 26: 577-584.
- Shimoda, N., Knapik, E.W., Ziniti, J., Sim, C., Yamada, E., Kaplan, S., Jackson, D., Sauvage, F.D., Jacob, H and Fishman, M. C. 1999. Zebrafish genetic map with 2000 Microsatellite markers. GENOMIC Journal: 58, 218-232
- Silva, E.P., Russo, C.A.M. 2000. Techniques and statistical data analysis in molecular population genetics. Hydrobiologia, 420: 119-135.
- Ward, R.D., Appleyard, S.A., Daley, R.K., Reilly, A. 2001. Population structure of pink ling (*Genypterus blacodes*) from south-eastern Australian waters, inferred from allozyme and microsatellite analyses. Mar. Freshwater Research. 52: 965-973.
- Wright, S. 1978. Evolution and the genetics of populations variability within and among natural populations. University of Chicago Press. 2nd Ed., University of Chicago Press, Chicago.
- Zhao, N., Ai, W., Shao, Z., Zhu, B., Brosse, S and Chang, j. 2005. Microsatellite assessment of Chinese sturgeon (*Asipenser sinensis gray*) genetic variability. Ichthyology. 21:7-13

A Study on Population Genetics of *Vimba vimba Persa* (Pallas, 1814) Using Microsatellite Markers in Gilan Province, the Southern Caspian Sea

S. Mohamadian*¹, S. Rezavani Gilkolaei², M. Kazemian¹, A. Kamali¹, Sh. Rouhollahi³,
M. Javad Taghavi⁴ and F. Laloei⁴

¹ Islamic Azad University, Science and Research Branch, Department of Fisheries, Tehran, I.R. Iran

² Iranian Fisheries Research Organization, Tehran, I.R. Iran

³ Khoramshahr Marine Science and Technology University, Khoramshahr, I.R. Iran

⁴ Ecology Research Center of the Caspian Sea, Sari, I.R. Iran

(Received: 21 July 2010, Accepted: 10 March 2011)

Abstract

Population of *Vimba vimba persa* was investigated using microsatellite markers originated from two regions along the Iranian coastline of Southern Caspian Sea (Anzali Lagoon and Havigh River in Gilan province). Totally 153 alleles were identified. The highest number of alleles per CA3 loci was 17 and the lowest 3 in Z8145 loci with means of 7.6. Observed and expected heterozygosity averages were 0.79 and 0.76, respectively. Most cases deviated significantly from Hardy-Weinberg equilibrium ($p \leq 0.01$). The estimation of F_{st} ($p \leq 0.01$) identified significantly two populations of *Vimba vimba persa* in the Caspian Sea. Studies of this kind assist conservation of this species, sustainable harvest and restocking of the populations.

Keywords: *Vimba vimba persa*, Population genetic, Microsatellite, Caspian Sea