

بررسی مولکولی جمعیت ماهی کیلکای معمولی (*Clupeonella cultriventris*) در حوضه جنوبی دریای خزر به روش PCR-RFLP

فرامرز لالوئی^(۱)؛ سهراب رضوانی کیل کلانی^(۲)؛ محجوبه نیرانی^(۳) و محمد جواد تقوی^(۴)

laloei@yahoo.com

۱- ۲ و ۳ - پژوهشکده اکولوژی دریای خزر، ساری صندوق پستی: ۹۶۱

۲- موسسه تحقیقات شیلات ایران، تهران صندوق پستی: ۶۱۱۶-۱۴۱۵۵

تاریخ دریافت: تیر ۱۳۸۴ تاریخ پذیرش: اسفند ۱۳۸۴

چکیده

در این بررسی ۱۰۰ عدد ماهی کیلکای معمولی از حوضه جنوبی دریای خزر (۵۰ عدد از منطقه امیرآباد در استان مازندران و ۵۰ عدد از منطقه بندر انزلی در استان گیلان) جمع‌آوری گردید. DNA با روش فنل-کلروفرم از بافت باله ماهی استخراج شد. واکنش PCR با استفاده از یک جفت پرایمر از توالی نوکلئوتیدهای ناحیه D-Loop مولکول mtDNA انجام شد که در نتیجه آن محصول PCR در کلیه نمونه‌ها حدود ۱۰۱۵ جفت باز بدست آمد. جهت هضم آنزیمی محصول PCR از ۱۳ آنزیم اندونوکلئاز استفاده شد. الگوهای هضم آنزیمی بر روی ژل پلی‌اکریل آمید و رنگ‌آمیزی نیترات نقره مشاهده گردیدند. از ۱۳ آنزیم مورد استفاده، ۵ آنزیم (*Nde II*, *Mae III*, *Msp I*, *Hae III*, *Acy I*) الگوهای پلی مورفیک را نشان دادند که در نتیجه آن ۹ هاپلوتیپ مختلف بدست آمد. فاصله ژنتیکی بین هاپلوتیپها از ۰/۰۰۷۳ تا ۰/۰۳۶۹ متغیر بود. میانگین عددی تنوع هاپلوتیپها ۰/۰۰۶۸ ± ۰/۷۳۳۹ و تنوع نوکلئوتیدی ۰/۰۰۰۰ ± ۰/۰۰۹۸ بود. همچنین اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌ها ۰/۰۱ درصد بود.

براساس نتایج حاصله و آنالیز آماری داده‌ها، تفاوت بین هاپلوتیپ‌ها معنی‌دار بود ($P \leq 0/01$) و بنابراین می‌توان گفت ساختار ژنتیکی متفاوتی بین دو منطقه نمونه‌برداری مشاهده گردیده است.

لغات کلیدی: ماهی کیلکا معمولی، *Clupeonella cultriventris*, PCR-RFLP، تنوع ژنتیکی، دریای خزر

مقدمه

مناسب در مطالعات تنوع ژنتیکی و ژنتیک جمعیت تبدیل گردیده است. روش استفاده از تفاوت در توالیهای DNA از جمله دقیق‌ترین روش در طبقه‌بندی موجودات بوده و بدور از هر گونه اشتباه می‌باشد (Hedrick, 1999).

شناسایی گونه‌ها، جمعیت‌ها و نژادها در برنامه‌های بهره برداری از ذخایر آبزیان دریایی، برنامه‌های آبی پروری و اصلاح نژاد دارای اهمیت زیادی می‌باشد (Lin et al., 2002). در سالهای اخیر پیشرفت علم ژنتیک و نشانگرهای ژنتیکی به یاری متخصصین آمده و به ابزاری قابل اعتماد و

زیست می‌نمایند. ترکیب گونه‌ای کیلکا ماهیان در صید تجاری شامل ۹۱/۸۱ درصد کیلکای آنچوی، ۶/۸۴ درصد کیلکای چشم درشت و ۱/۳۵ درصد کیلکای معمولی است (فضلی و همکاران، ۱۳۸۱).

کیلکای معمولی در بین سه گونه، بیشترین قابلیت مطابقت با شرایط اکولوژیک دریای خزر را از خود نشان داده و بعبارتی کمترین لطمه به ذخایر آن وارد شده است. از این رو ماهی کیلکای معمولی از نظر بیولوژی، رفتارشناسی، تغذیه، مهاجرت و جمعیت شناسی مورد توجه قرار گرفته است. در این تحقیق ذخایر این گونه به روش مولکولی و با استفاده از توالی ناحیه D-Loop مولکول mtDNA مورد بررسی قرار گرفته تا وجود جمعیت‌های متعدد احتمالی در مناطق غرب و شرق حوضه جنوبی دریای خزر روشن و ضرورت اعمال مدیریتی متفاوت مشخص گردد.

مواد و روش کار

نمونه‌برداری با استفاده از لنگهای صیادی مجهز به تورهای قیفی و لامپ در مناطق شرقی (محدوده امیرآباد با طول جغرافیایی ۲۴، ۱۴، ۵۳° و عرض جغرافیایی ۴۷، ۵۹، ۳۶°) و در مناطق غربی (محدوده بندر انزلی با طول جغرافیایی ۲۸، ۳۲، ۴۹° و عرض جغرافیایی ۳۶، ۳۷، ۵۴°) حوضه جنوبی دریای خزر انجام شده است. صید ماهیان در حدود بین اعماق ۶۰ تا ۸۰ متر انجام شده است. پس از صید، باله دمی مربوط به ۵۰ عدد ماهی از منطقه شرق و ۵۰ ماهی از منطقه غرب آبهای حوضه جنوبی در الکل مطلق تثبیت و به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی پژوهشکده اکولوژی دریای خزر منتقل شد.

استخراج DNA با بهینه کردن روش فنل-کلروفرم انجام گردید (Fevolden & Pogson, 1997). جهت بررسی کمی و کیفی DNA استخراج شده از روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز ژل آگارز ۱ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم برآید استفاده شد.

واکنش PCR جهت ازدیاد ناحیه D-Loop مولکول mtDNA از یک جفت پرایمر طبق روش Lee و همکاران در سال ۱۹۹۶ انجام گردید. توالی نوکلئوتیدهای پرایمرها بشرح زیر می باشد:

امروزه تکنیک‌های متکی بر PCR از قبیل RAPD (Williams et al., 1990)، ماکروستلایت و مینی ستلایتها (Cronin et RFLP, Panaud et al., 1996) (Cronin et al., 1994) تعیین توالی نوکلئوتید رشته‌های DNA و ... جهت بررسی و شناسایی ژنوتیپ گونه‌ها و جمعیت‌های مختلف بکار می‌روند.

هر چند که روش مستقیم تعیین توالی DNA بسیاری از مشکلات محققین را بر طرف نموده ولی اصولاً این روش گران و زمان بر می‌باشد. آنالیز RFLP نسبت به شناسایی توالی DNA بسیار اقتصادی‌تر بوده و نسبت به داوری براساس صفات مورفولوژیک بسیار موفق‌تر و دقیق‌تر می باشد. طی سالهای اخیر RFLP تکنیکی مطمئن برای مطالعات سیستماتیک و تعیین مارکرهای ژنتیکی گونه‌ها و آنالیز جمعیت‌ها بوده است (Cronin et Imsiridou, al., 1994; Rezvani Gilkolaei, 2000) و همکاران (۱۹۹۸) اختلاف ژنتیکی و روابط فایلوژنی ماهی Chub یونانی (*Leuciscus cephalus*) را با استفاده از آنالیز RFLP بررسی نمودند. آنان با استفاده از توالی ناحیه D-Loop و سیتوکروم b روابط سیستماتیک و فیلوژنی ۱۲ جمعیت از ماهی Chub را مشخص کردند. Grant و همکاران (۱۹۹۸) تنوع ژنتیکی و روابط فایلوژنی را بین ماهیان ساردین (*Clupeid sardinops*) ژاپن، استرالیا و آفریقای جنوبی با روش آنالیز RFLP و تکثیر ناحیه D-loop و ژن سیتوکروم b انجام دادند.

Waters و همکاران (۲۰۰۰) اختلافات ژنتیکی ماهی *Alosa sapidissima* (گونه‌ای از شگ ماهیان، جنس *Alosa*) را با استفاده از mtDNA و ماکرو و مینی ستلایت‌ها مطالعه نمودند.

علاوه بر این Gross و همکاران (۲۰۰۲) با استفاده از آنالیز PCR-RFLP و ژنهای ND-3/4 و ND-5/6 ژنوم میتوکندری، روابط ژنتیکی بین دو زیر گونه ماهی کپور معمولی (*Cyprinus carpio carpio*, *C. carpio*) را در اروپا و آسیای شرقی مورد مطالعه قرار داده‌اند.

در دریای خزر سه گونه از کیلکا ماهیان بنام کیلکا آنچوی (*Clupeonella engrauliformis*)، چشم درشت (*C. grimmi*) و کیلکای معمولی (*C. cultriventris*)

Roff & Bentzen, X² Carlo simulation انجام شد (1989).

نتایج

قطعات تکثیر یافته ناحیه D-Loop مربوط به مولکول mtDNA در تمامی نمونه‌ها، حدود ۱۰۱۵ جفت باز بود (شکل ۱). ۵ آنزیم از ۱۳ آنزیم مورد استفاده (Nde II, Mae III, Msp I, Hae III, Acy I) پلی‌مورفیک را نشان داده (جدول ۱، شکل‌های ۲ و ۳) و سایر آنزیمها دارای الگوهای مشابه در تمام نمونه‌ها بودند. الگوهای هضم آنزیمی محدود کننده، ۹ هاپلوتیپ متفاوت را در ۱۰۰ عدد از کیلکای معمولی متعلق به آبهای منطقه شرقی و غربی حوضه جنوبی دریای خزر نشان داد (جدول ۲). همچنین فاصله ژنتیکی بین هاپلوتیپ‌های مختلف در جدول ۳ نشان داده شده است.

براساس داده‌های جدول ۳ بیشترین فاصله تکاملی بین هاپلوتیپ ABABA با AAACA (۰/۰۳۶۹) و کمترین فاصله بین هاپلوتیپ AAAAA با ABAAA (۰/۰۰۷۳) بوده است.

تنوع هاپلوتیپ‌ها در آبهای منطقه بندر انزلی ۰/۷۵۲۷ ± ۰/۴۷۰۷ و در منطقه امیرآباد ۰/۷۱۵۱ ± ۰/۴۶۲ بوده و تنوع نوکلئوتیدی داخل جمعیتها برترتیب ۰/۱۰۵۴۵ و ۰/۰۸۵۴۰ بوده است. علاوه بر این تنوع نوکلئوتیدی بین جمعیتها ۰/۰۰۹۹ و درصد اختلاف نوکلئوتیدها (Nucleotid divergence) در بین جمعیتها ۰/۰۱ درصد بوده است. همچنین اختلاف نوکلئوتیدی جمعیتها بین مناطق نمونه‌برداری نیز ۰/۰۱ درصد بود.

مشابه‌سازی سری‌های هاپلوتیپ نمونه‌ها با استفاده از تست X² Monte-carlo simulation انجام شد (Roff & Bentzen, 1989). آنالیز آماری داده‌های فوق نشان داد که تکرار هاپلوتیپ‌های mtDNA در دو منطقه مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری دارند (P ≤ ۰/۰۱).

Primer Forward: 5' - CCT AAT CTC TGG
CGA CAC G C - 3'

Primer Reverse: 5' - GCT ACA CTA GCC
ACA CAC TA - 3'

پیش‌بینی می‌شود محصول PCR با استفاده از این پرایمرها، ۱۰۱۷ جفت باز باشد.

PCR با استفاده از ۵ μl بافر PCR (۱۰X)، dNTP با غلظت ۲۰۰ μM، یک واحد آنزیم Taq DNA polymerase با غلظت ۲/۵ mM، از هر پرایمر ۵۰ تا ۱۰۰ ng DNA هدف و آب مقطر به اندازه‌ای که حجم نهایی محلول به ۵۰ μl برسد، انجام شد.

برنامه دستگاه ترمال سایکلر بترتیب: Denaturation ۹۴ درجه سانتیگراد بمدت ۱ دقیقه، Annealing ۵۴ درجه سانتیگراد بمدت ۳۰ ثانیه و Extension ۷۲ درجه سانتیگراد بمدت ۱ دقیقه برای ۳۰ چرخه بوده است.

محصول PCR با استفاده از مارکر DNA ۵۰ bp و الکتروفورز بر روی ژل پلی‌اکریل آمید ۶ درصد و رنگ‌آمیزی نیترا ت نقره مشاهده گردید.

برای هضم آنزیمی محصول PCR نمونه‌ها (آنالیز RFLP) از ۱۳ آنزیم Mae III, Msp I, Hae III, Acy I, Hinf I, Bcn I, Taq II, Mbo I, Alu I, Alw 261, III, Eco 471, Dde II و Mbo II استفاده شده است. الگوهای هضم آنزیمی محصولات PCR با روش الکتروفورز ژل پلی‌اکریل آمید ۶ درصد و رنگ‌آمیزی نیترا ت نقره مشخص گردید.

انتخاب آنزیمها و تجزیه و تحلیل داده با استفاده از نرم‌افزارهای Generun و Reap انجام شد. در بحث آماری فاصله ژنتیکی، تنوع هاپلوتیپ‌ها و نوکلئوتیدها و اختلاف نوکلئوتیدها محاسبه گردید. همچنین مشابه‌سازی سری‌های هاپلوتیپ نمونه‌ها با استفاده از تست Monte-

جدول ۱: اندازه قطعات ایجاد شده و الگوهای هضم آنزیمی ناحیه D-Loop با آنزیمهای *AcyI*, *HaeIII*, *MspI*, *MaeIII* در ماهی کیلکای معمولی حوضه جنوبی دریای خزر

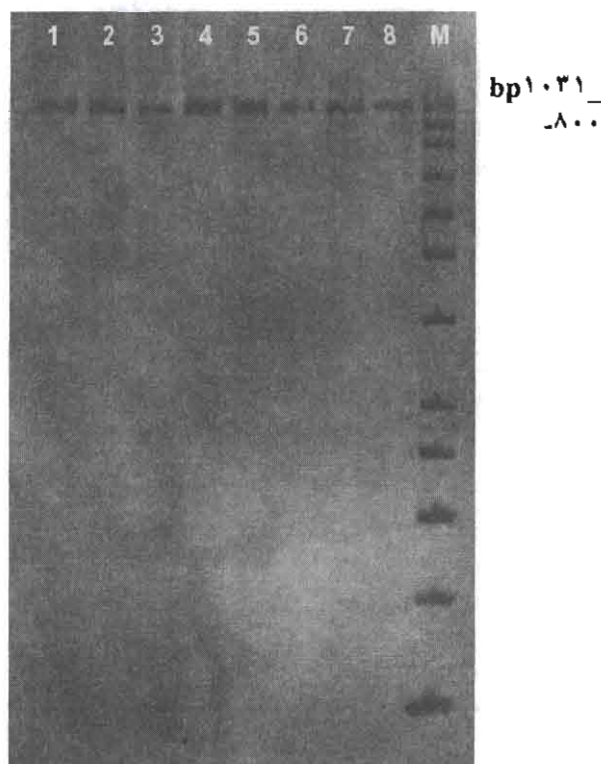
زنوتیپ	<i>AcyI</i>		<i>HaeIII</i>		<i>MspI</i>		<i>MaeIII</i>			<i>NdeII</i>		
	A	B	A	B	A	B	A	B	C	A	B	C
طول قطعات (bp)	۸۰۰			۷۰۰	۵۷۰	۵۷۰	۵۰۰		۵۰۰			۷۵۵
		۶۰۰	۴۰۰		۴۰۰			۳۶۰		۵۳۰	۵۳۰	
	۲۱۵	۲۱۵	۳۲۵	۳۲۵		۲۶۰		۳۲۰	۳۲۰		۳۳۰	
		۲۰۰	۲۹۰			۱۴۰	۲۰۰		۲۰۰	۲۲۰		
					۵۰	۵۰	۱۳۵	۱۳۵		۱۷۰	۱۷۰	۱۷۰
							۱۰۰	۱۰۰		۱۰۰		۱۰۰
							۷۰	۷۰				

جدول ۲: فراوانی و درصد هاپلوتیپهای مربوط به ناحیه D-loop هضم شده با آنزیمهای *Nde II*, *Mae III*, *Msp I*, *Hae III*, *Acy I* در کیلکای معمولی حوضه جنوبی دریای خزر

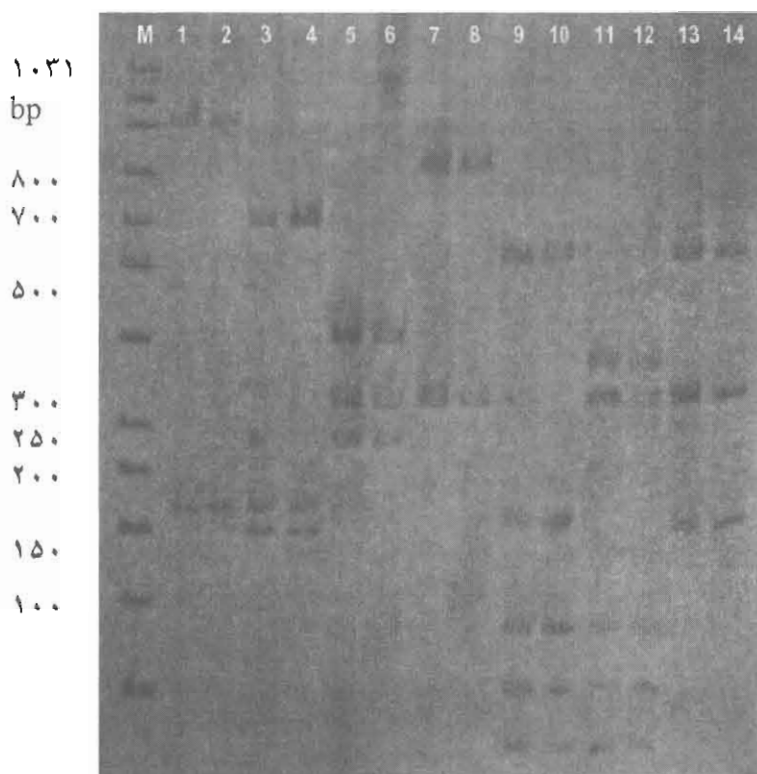
درصد	جمع	تعداد		هاپلوتیپ	ردیف
		منطقه شرق	منطقه غرب		
۴۵	۴۵	۲۲	۲۳	AAAAA	۱
۸	۸	۷	۱	AAAAB	۲
۲۱	۲۱	۹	۱۲	AAABA	۳
۱۲	۱۲	۵	۷	AABAA	۴
۳	۳	۰	۳	ABAAA	۵
۴	۴	۰	۴	BAAAA	۶
۲	۲	۲	۰	ABABA	۷
۳	۳	۳	۰	AAACA	۸
۲	۲	۲	۰	AAAAC	۹
۱۰۰	۱۰۰	۵۰	۵۰	جمع	

جدول ۳: فاصله ژنتیکی بین هاپلوتیپ‌های مختلف در جمعیت کیلکای معمولی حوضه جنوبی دریای خزر (مثلث بالایی مربوط به انحراف استاندارد و مثلث پائین مربوط به فاصله ژنتیکی می‌باشد).

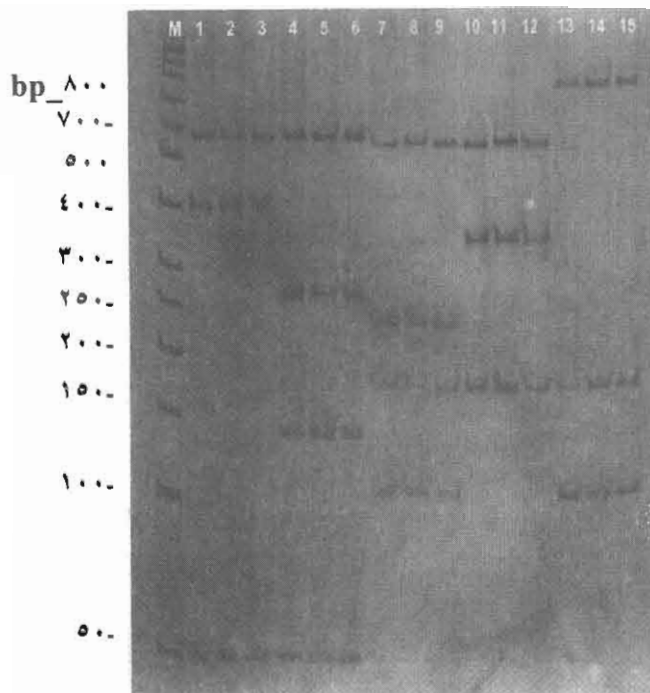
هاپلوتیپ	AAAAA	AAAAB	AAABA	AABAA	ABAAA	BAAAA	ABABA	AAACA	AAAAC
AAAAA		۰/۱۳۹۰	۰/۰۱۸۲	۰/۰۱۲۸	۰/۰۱۲۸	۰/۰۲۰۵	۰/۰۲۲۱	۰/۰۲۱۳	۰/۰۱۳۹
AAAAB	۰/۰۰۷۸		۰/۰۲۳۱	۰/۰۱۸۵	۰/۰۱۸۵	۰/۰۲۴۹	۰/۰۲۶۰	۰/۰۲۵۹	۰/۰۱۶۶
AAABA	۰/۰۱۲۱	۰/۰۲۰۳		۰/۰۲۲۱	۰/۰۲۲۱	۰/۰۲۷۲	۰/۰۱۲۸	۰/۰۲۷۶	۰/۰۲۳۱
AABAA	۰/۰۰۷۳	۰/۰۱۷۲	۰/۰۱۹۱		۰/۰۱۷۲	۰/۰۲۳۸	۰/۰۲۴۷	۰/۰۲۴۸	۰/۰۱۸۵
ABAAA	۰/۰۰۷۳	۰/۰۱۷۲	۰/۰۱۹۱	۰/۰۱۵۸		۰/۰۲۳۸	۰/۰۱۷۸	۰/۰۲۴۸	۰/۰۱۸۵
BAAAA	۰/۰۱۰۷	۰/۰۱۸۶	۰/۰۲۲۴	۰/۰۱۷۵	۰/۰۱۷۵		۰/۰۲۹۷	۰/۰۲۹۷	۰/۰۲۴۹
ABABA	۰/۰۱۹۲	۰/۰۲۸۳	۰/۰۰۷۳	۰/۰۲۷۴	۰/۰۱۱۵	۰/۰۲۸۹		۰/۰۳۰۳	۰/۰۲۶۰
AAACA	۰/۰۱۴۳	۰/۰۲۳۲	۰/۰۲۹۹	۰/۰۲۱۸	۰/۰۲۱۸	۰/۰۲۵۲	۰/۰۳۶۹		۰/۰۲۵۹
AAAAC	۰/۰۰۷۹	۰/۰۱۱۴	۰/۰۲۰۳	۰/۰۱۷۲	۰/۰۱۷۲	۰/۰۱۸۶	۰/۰۲۹۳	۰/۰۲۳۲	



شکل ۱: محصول PCR نمونه‌های کیلکای معمولی بر روی پلی اکریل آمید، ستون M مارکر معمولی



شکل ۲: الگوهای هضم آنزیمی ناحیه D-Loop ماهی کیلکای معمولی، ستون M مارکر مولکولی، ستون ۱-۴: آنزیم *AcyI*، ستون ۵-۸: آنزیم *HaeIII*، ستون ۹-۱۴: *MaeIII*



شکل ۳: الگوهای هضم آنزیمی ناحیه D-Loop ماهی کیلکای معمولی، ستون M مارکر مولکولی، ستون ۱-۶: آنزیم *MspI*، ستون ۷-۱۵: آنزیم *NdeII*

بحث

آگاهی از میزان ذخایر توارثی و تنوع ژنتیکی بین افراد یک گونه، از اهداف ارزشمند مدیریت ذخایر و اصلاح نژاد می‌باشد. استفاده توأم از داده‌های ریختی و داده‌های ژنی می‌تواند برای توضیح فرآیندهای تکاملی به جز رانش ژنی مورد استفاده قرار گیرد (Avis, 2000). خصوصیات ظاهری ضرورتاً یک راهنمای خوب برای تشخیص تغییرات ژنتیکی نیست. اعضای یک نژاد یا جمعیت ممکن است برحسب ظاهر شبیه بهم ولی از لحاظ ژنتیکی کاملاً با هم متفاوت باشند. متقابلاً برخی از نژادها ممکن است خیلی متفاوت به نظر برسند ولی از لحاظ ژنتیکی نزدیک بهم باشند (Barker et al., 1997). مولکول mtDNA می‌تواند اطلاعات گذشته را که مربوط به چگونگی انتخاب از اجزاء می‌باشد را در خود نگه دارد. اصولاً اختلاف ژنتیکی بین جمعیتها در نتیجه جمع شدن و انبوه شدن افراد در یک منطقه می‌باشد (Gyllensten & Wilson, 1986).

در تحقیق حاضر، تفاوت در ترتیب نوکلئوتیدهای ناحیه D-Loop ماهی کیلکای معمولی مورد بررسی قرار گرفته است. در این بررسی تعداد ۸۲ نوکلئوتید که حدود ۸ درصد ژن مورد نظر را شامل می‌شود، بطور غیرمستقیم مورد مطالعه قرار گرفته است. فاصله ژنتیکی در افراد مورد مطالعه (هاپلوטיפها) بین ۰/۰۰۷۳ تا ۰/۳۶۹ متغیر بوده است. از ۹ هاپلوטיפ مشاهده شده، هاپلوטיפ‌های AAAAA (۴۵ درصد)، AAAAB (۸ درصد)، AAABA (درصد) و AABAA (۲۱ درصد) در هر دو منطقه نمونه‌برداری مشترک و هاپلوטיפ‌های ABAAA (۳ درصد) و BAAAA (۴ درصد) به تنهایی در منطقه شرق و هاپلوטיפ‌های ABABA (۲ درصد)، AAACA (۳ درصد) و AAAAC (۲ درصد) در منطقه غرب حوضه جنوبی دریای خزر مشاهده گردیدند. همانگونه که ملاحظه می‌گردد میزان فراوانی و نوع هاپلوטיפ‌ها در مناطق مختلف یکسان نیست و وجود هاپلوטיפ‌های مختلف نشان می‌دهد که تنوع در ژنوم میتوکندری کیلکا ماهیان وجود دارد. اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیتها در مناطق نمونه‌برداری ۰/۱ درصد بوده و علاوه بر این میانگین تنوع هاپلوטיפ‌ها در دو منطقه نمونه‌برداری ۰/۰۰۳±۰/۲۳۳۹ و تنوع نوکلئوتیدی ۰/۰۰۹±۰/۰۰۰۰

بود. از طرفی آنالیز آماری انجام شده، اختلاف معنی‌داری را بین هاپلوטיפ‌های مختلف نشان داده که می‌تواند بیانگر وجود جمعیت‌های متفاوت کیلکای معمولی در حوضه جنوبی دریای خزر باشد (P= ۰/۰۰۴). بنابراین براساس نتایج حاصله می‌توان گفت، ساختار ژنتیکی متفاوتی بین دو منطقه نمونه‌برداری مشاهده گردیده است.

Waters و همکاران (۲۰۰۰) تحقیقات مشابهی را بر روی ۴ جمعیت ماهی *Alosa sapidissima* در رودخانه‌های Pamunkey, James و Hudson در سواحل اقیانوس اطلس و رودخانه کلمبیا در سواحل اقیانوس آرام انجام دادند براساس مطالعات انجام شده، تنوع ژنی در رودخانه‌های Pamunkey, James و Hudson بترتیب ۰/۱۸۱، ۰/۱۶۴ و ۰/۱۷۶ و در رودخانه کلمبیا ۰/۳۶ بوده است. بدین ترتیب مشاهده می‌گردد میزان تنوع در رودخانه کلمبیا حدود ۵۳ درصد کمتر از سه رودخانه دیگر بوده است. یکی از دلایل این اختلاف، عدم وجود جریان‌های ژنی در جمعیت رودخانه کلمبیا با هر یک از جمعیت‌های سواحل اقیانوس اطلس بوده و عبارتی، جمعیت ماهیان مورد مطالعه در این رودخانه بمقدار زیادی متمایز از جمعیت‌های ساحل اقیانوس اطلس بوده است. همچنین Imsiridou و همکاران (۱۹۹۸) تنوع ژنتیکی و روابط فیلوژنی ۱۲ جمعیت ماهی *Chub* یونانی (*Leuciscus cephalus*) را با استفاده از ناحیه D-Loop به روش PCR-RFLP بررسی نمودند که توانستند ۲۱ هاپلوטיפ مختلف را شناسایی نمایند. اختلاف نوکلئوتیدی مشاهده شده بین ۲۱ ژنوتیپ mtDNA از ۰/۳۱۳ تا ۰/۲۹۶ درصد بود. همچنین میانگین تنوع داخل جمعیتها ۰/۰۰۷±۰/۶۸۴۳ درصد و تنوع بین جمعیتها ۰/۰۰۱±۰/۲۶۳۸ درصد بود.

Grant و همکاران (۱۹۹۸) تنوع ژنتیکی و روابط فیلوژنی را بین ماهیان ساردین (*Clupeid sardinops*) ژاپن، استرالیا و آفریقای جنوبی با روش آنالیز RFLP و تکثیر ناحیه D-loop و ژن سیتوکروم b انجام دادند. تجزیه و تحلیل ۲۵۸ جفت باز از ژن سیتوکروم b مولکول DNA میتوکندری در ۲۴ نمونه از ساردین‌های استرالیا، آفریقای جنوبی، شیلی، کالیفرنیا و ژاپن وجود ۲۴ هاپلوטיפ را نشان داد.

Faria و همکاران (۲۰۰۴) خصوصیات ژنتیکی ماهیان *A. fallax* و *Alosa alosa* (از خانواده

حسن فضلی، علی اصغر جانناز و سرکار خانم علوی) ما را یاری نموده‌اند، تشکر و قدردانی بعمل می‌آید.

منابع

فضلی، ح.؛ صیاد بورانی، م.؛ جانباز، ع.ا.؛ نادری، م.

؛ ابو، م.؛ مقسیم، م.؛ عسوفی، ف. و آذری، ع.،

۱۳۸۱. بررسی آماری و بیولوژیک کیلکا ماهیان در

مناطق صید تجاری. موسسه تحقیقات شیلات

ایران. ۷۳ صفحه.

Avis, J.C. , 2000. Phylogeography—the history and formation of species. Harvard university press . USA . 447P.

Barker, J.S.F. ; Selvaraj, O.S. and Mukherjee, T.K. , 1997. Genetic variation within and relationships among population of Asian water Buffalo. Animal genetic. Vol. 28, pp.1-13.

Cronin, M.A. ; Hilis, S. ; Born, E.W. and Potton, C. , 1994. mtDNA variation in Atlantic and Pacific walruses. Gen. 3. 2001. Vol. 72, pp.1035-1043.

Faria, R. ; Wallner, B. ; Weiss, S. and Alenadrino, B. , 2004. Isolation and characterization of eight dinucleotide micro satellite loci from two closely related clupeid species (*Alosa alosa* and *A. fallan*). Molecular Ecology Notes. Vol. 4, pp.586–591.

Fevolden, S.E. and Pogson, G.H. , 1997. Genetic divergence at the synaptophysin locus among Norwegian Coastal and North –East Arctic population of Atlantic Cod. Journal of fish Biology. Vol. 51, pp.895-908

Grant, W.S. ; Clank, A.M. and Bowen, W. , 1998. Why restriction fragment length polymorphism analysis of mtDNA failed to resolve Sardinian biogeography: Insights from mtDNA cytochrome b sequences. Journal of Can. Sci. Halieut. Aquato. Vol. 55, No. 12, pp.2539–2547.

Gross, B. ; Kohlmaun, K.M. and Kerstem, P. , 2002. PCR- RFLP analysis of mitochondrial

(Clupeidae) در نواحی از مدیترانه و دریای سیاه را با استفاده از میکروستلایت مورد مطالعه قرار داده‌اند. تعداد آلله‌ها در هر لوکوس برای *A. alosa* از ۳ تا ۹ و برای *A. fallax* از ۲ تا ۷ بود. ضمن اینکه تنوع هتروزگوتی برای این دو گونه برترتیب از ۰/۲۶۷ تا ۰/۹۲۶ و ۰/۲۴۰ تا ۰/۷۲۷ بود.

با توجه به تحقیقات و بررسی‌های انجام شده، چنین استساز می‌گردد که در اکوسیستم‌هایی که امکان مهاجرت و حرکت ماهیان از منطقه‌ای به منطقه دیگر وجود دارد، اختلافات ژنتیکی افراد بین مناطق مختلف مشاهده نگردیده یا در حد بسیار پایین می‌باشد. در مجموع مقایسه الگوی ژنوتیپی و هاپلو تیپی در مناطق مختلف بیانگر آن است که توزیع نمونه‌ها در نواحی مختلف تحت تاثیر عوامل مختلف فیزیکی و اکولوژیک می‌باشد (Lin et al., 2004 ; Kohlman et al., 2003).

همانگونه که ذکر گردید، ماهی کیلکای معمولی از جمله ماهیان مهاجر می‌باشد که بدلیل نبود موانع فیزیکی می‌تواند بین دو منطقه غرب و شرق حوضه جنوبی دریای خزر مهاجرت نماید و بعبارت دیگر جریان ژنی بین دو منطقه برقرار می‌باشد. از طرف دیگر با توجه به وضعیت و شرایط فیزیولوژیک این ماهی و مقاوم بودن به شرایط محیطی (شوریهای متفاوت و درجه حرارت) و زیست در حوضه‌های شمالی، میانی و جنوبی دریای خزر، می‌تواند دلایلی بر وجود اختلافات ژنتیکی و جمعیت‌های متفاوت بین کیلکای معمولی باشد.

با توجه به موارد فوق و وجود تفاوت ژنتیکی معنی‌دار بین جمعیت‌های ماهی کیلکای معمولی در حوضه جنوبی دریای خزر پیشنهاد می‌گردد، این تحقیق بصورت گسترده‌تری با جمع‌آوری نمونه‌هایی از حوضه میانی و شمالی دریای خزر انجام گیرد تا بتوان براساس نتایج بدست آمده و شناسایی جمعیت‌های احتمالی بیشتر، مدیریت اصولی و جداگانه‌ای را بر ذخایر اعمال نمود. علاوه بر این نیاز است رفتارهای تولید مثل، تغذیه‌ای و مهاجرتی این جمعیت‌ها مورد مطالعه و تحقیق قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

از جناب آقای دکتر رستمی ریاست محترم وقت پژوهشکده اکولوژی دریای خزر و کلیه همکارانی که در مراحل نمونه‌برداری، آزمایشگاهی و تایپ (آقایان مهندس

- ND- 3/4 and ND- 5/6 gene polymorphism in the European and East Asian subspecies of common carp. *Aquaculture*. Vol. 204, pp.507-516.
- Gyllensten, U. and Willson, A.C. , 1986.** Mitochondrial DNA of salmonids: In trans-pacific variability detected with restriction enzymes. *In: N. Ryman and F. Utter*). Population genetics and fishery management University of Washington press, Seattle, WA. 3:pp.34-46
- Hedrick, P.W. , 1999.** Genetic of populations, second edition, Jones and Bartlitt Publishers, MA, USA. Vol. 24, pp.56-64.
- Imiridou, A. ; Apostolidis, A.P. ; Durand, J.D. ; Briolay, J. ; Bouvet, Y. and Triantaphyllidis, C. , 1998.** Genetic differentiation and phylogenetic relationships among Greek Chub (*Leuciscus cephalus*) population as revealed by RFLP analysis of mtDNA. *Biochemical Systematic and Ecology*. Vol. 26, pp.415-429.
- Kohlman, K. ; Gross, R. ; Murakaeva, A. and Skersten, P. , 2003.** Genetic variability and structure of Common Carp populations throughout the distribution range inferred from allozyme , micro satellite and mtDNA makers. *Aquaculture Living Resources*. Vol. 16, pp.421-431.
- Lee, W.J. ; Conroy, J. ; Howell, H.W. and Kocher, T.D. , 1996.** Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions. *Journal of Mol. Evol.* Vol. 41, pp.54-66.
- Lin, Y.S. ; Poh, Y.P. ; Lin, S.M. and Tzeng, C.S. , 2004.** Molecular techniques to identify freshwaters eels: RFLP analyses of PCR-amplified DNA fragments and Allele-Specific PCR from mtDNA. *Zoological studies*. Vol. 41, No. 4, pp.421-430.
- Lin, Y.S. ; Poh, Y.P. ; Lin, S.M. and Tzeng, C.S. , 2002.** Molecular techniques to identify freshwater eels. *Zoological S0tudies*. Vol. 41, No. 4, pp.421-430.
- Panaud, O. ; Chen, X. and McCouch, S.R. , 1996.** Development of microsatellite markers and characterization of single sequence length polymorphism (SSLP) in rice *Gen, Genet* 252, pp. 597-607
- Rezvani Gilkolaei, S. , 2000.** Study of mtDNA variation of Russian Sturgeon population from the South Caspian Sea Using RFLP Analysis PCR Amplified ND5/6 Gene Regions. *Iranian Journal of Fisheries Science*. Vol. 2, No. 1, pp.13-36.
- Roff, D.A. and Bentzen, P. , 1989.** The statistical analysis of mtDNA polymorphism: X2 problem of small sample size. *Mol. Bio. Evol.* Vol. 2, pp.539-545.
- Waters, J.M. ; Epifanio, J.M. ; Gunter, T. and Browns, B.L. , 2000.** Homing behavior facilitates subtle genetic differentiation among river population of *Alosa sapidissima* micro satellites and mtDNA. *Journal of Fish Biology*. Vol. 56, pp.622-636.
- Williams, J.G.K. ; Kubelic, A.R. ; Livak, K.J. ; Rafalski, J.A. and Tingey, S.V. , 1990.** DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* Vol. 18, pp.6531-6535.

The PCR-RFLP investigation of *Clupeonella cultriventris* from the South Caspian Sea, Iran

Laloei F.⁽¹⁾ ; Rezvani Gilkolaei S.⁽²⁾ ; Nirani M.⁽³⁾ and Taghavi M.T.⁽⁴⁾

Laloei@yahoo.com

1,3,4- Caspian Sea Ecology Research Center, P.O.Box: 961 Sari, Iran

2- Iranian Fisheries Research Organization, P.O.Box: 14155-6116 Tehran, Iran

Received: July 2005 Accepted: March 2005

Keywords: Kilka, *Clupeonella cultriventris*, PCR- RFLP, South Caspian Sea, Iran

Abstract

Fifty common kilka (*Clupeonella cultriventris*) specimens from Guilan Province and fifty others from Mazandaran Province, South Caspian Sea were collected to study genetic variation in the fish using Restricted Fragment Length Polymorphism (RFLP) of the mtDNA. DNA was extracted from fin tissue by phenol-chloroform method. The PCR products were digested using 13 restriction endo-nuclease enzymes. Five out of thirteen restriction enzymes were polymorphic resulting in nine different haplotypes. The haplotype divergence ranged from 0.0073 to 0.0369. The mean value of haplotype and nucleotide diversity among populations was 0.7339 ± 0.0006 and 0.0098 ± 0.0 , respectively. The nucleotide divergence among populations was 0.01%. Statistically significant differences in haplotype frequencies among all samples were observed ($P < 0.01$). Therefore, we conclude the populations are different genetically.