

## مقاله علمی - پژوهشی:

## بررسی تغییرپذیری ژنتیکی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار *Capoeta trutta* IRAP استان کردستان با استفاده از نشانگرهای (Heckel, 1843)

زهرا مهربانی<sup>۱</sup>، بربازن بهرامی کمانگر<sup>\*۱، ۲</sup>، ادریس قادری<sup>۱</sup>

<sup>\*</sup>bbkamangar@uok.ac.ir

۱- گروه شیلات دانشکده منابع طبیعی دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

۲- گروه پژوهشی مطالعات دریاچه زریبار، پژوهشکده کردستان شناسی، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

تاریخ پذیرش: تیر ۱۳۹۹

تاریخ دریافت: فروردین ۱۳۹۹

## چکیده

تغییرپذیری ژنتیکی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار صید شده از رودخانه‌های چومان، شوی، گرماب (منطقه بانه)، قشلاق، سیروان، گاوهرود (منطقه سیروان) و روآر (منطقه مریوان) در استان کردستان با استفاده از نشانگرهای چندشکلی تکثیر شده بین رتروترانسپوزونی (IRAP) مورد بررسی قرار گرفت. تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از نشانگر مولکولی IRAP نشان داد که بیشترین و کمترین تعداد باندهای مشاهده شده، تعداد و درصد باندهای پلی‌مورف، تعداد باند متفاوت و اختصاصی، بیشترین تعداد آلل موثر، شاخص شانون و هتروزیگوستی مورد انتظار به ترتیب مربوط به جمعیت‌های روآر و گرماب می‌باشد. بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت روآر و شوی و کمترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت چومان و گرم‌آب بود. نتایج تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که ۹٪ واریانس ژنتیکی مربوط به بین مناطق جغرافیایی، ۱۶٪ مربوط به بین جمعیت‌ها و ۷۵٪ مربوط به درون جمعیت‌ها می‌باشد. بیشترین و کمترین مقدار جریان ژنی (تعداد مهاجرت در هر نسل) به ترتیب بین جمعیت‌های چومان و گرم‌آب و روآر و شوی مشاهده شد. بررسی روابط خویشاوندی جمعیت‌ها با روش بیشینه پارسیمونی نشان داد که جمعیت‌های منطقه مریوان در یک تک شاخه خواهی با جمعیت‌های مناطق بانه و سیروان قرار دارند. نتایج این پژوهش نشان داد که اگرچه جمعیت سیاه ماهی خالدار منطقه مریوان تفاوت‌هایی با سایر جمعیت‌ها داشت، ولی وجود شباهت‌ها مانع از جداگانه کامل آن می‌باشد. با این وجود ماهیان متعلق به هر جمعیت از مناطق جغرافیایی مورد بررسی با توجه به داشتن باندهای اختصاصی، قابل تفکیک می‌باشند. همچنین نتایج این پژوهش نشان داد که نشانگر IRAP دارای تکرارپذیری بالا و توان بیشتر در آشکار سازی تنوع ژنتیکی است و می‌تواند به طور موثر در مطالعات بررسی تنوع ژنتیک ماهیان و از جمله گونه سیاه ماهی خالدار مورد استفاده قرار گیرد.

**لغات کلیدی:** سیاه ماهی خالدار (*Capoeta trutta*), نشانگر IRAP, تغییرپذیری ژنتیکی

\*نویسنده مسئول

**مقدمه**

نshanگر IRAP<sup>۲</sup> یک Schulman, 2007; Schulman, 2007 نshanگر مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون می‌باشد. از این Marwa *et al.*, (2015) و گونه‌های گیاهی استفاده شده است ( Boronnikova and Kalendar, 2010; Gholamzadeh Khoei *et al.*, 2015; Cheraghi *et al.*, 2018 گونه‌های جانوری تنها منحصر به یک مطالعه بوده که در آن به بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های سوسماهی پرداخته شده است (Fokina *et al.*, 2015). پژوهش حاضر به منظور بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های گونه سیاه ماهی خالدار در استان کردستان با استفاده از نshanگر IRAP و همچنین مقایسه نتایج آن با داده‌های پیشین در این گونه (میرزایی و همکاران، ۱۳۹۵) انجام گرفته است.

**مواد و روش کار**

نمونه برداری در تابستان ۱۳۹۵ و از رودخانه‌های چومان، شوی و گرماب از زیر حوضه چومان در منطقه بانه، رودخانه‌های گاوهرود، قشلاق و سیروان در منطقه سیروان و رودخانه روآر در منطقه مریوان در مجاورت دریاچه سد داریان انجام شد (جدول ۱). هفت جمعیت مورد بررسی در سه منطقه جغرافیایی بانه، سیروان و مریوان در نظر گرفته شدند. شناسایی نمونه‌های صید شده با توجه به خصوصیات ریخت‌شناسی و با استفاده از کلیدهای شناسایی عبدالی (۱۳۷۸) و Coad (۱۹۸۷) انجام شد. استخراج DNA به روش استخراج نمکی از بافت عضله و بر پایه روش Cawthorn و همکاران (۲۰۱۱)، انجام گرفت. در این پژوهش از سه آغازگر و در شش حالت، مطابق با توالی آغازگرهای Nshanگر IRAP که پیشتر در مطالعه Fokina و همکاران (۲۰۱۵) طراحی شده است، در شرایط واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز<sup>۳</sup> استفاده شد. آغازگرهای مورد استفاده شامل آغازگر ۲۰۸۰-CAGACGGCGCCA-3' (۲۰۸۱)، ۵'-GCAACGGCGCCA-3' (۲۲۳۹) و ۵'-ACCTAGGCTGGATGCCA-3' (۲۰۸۰) انجام واکنش‌های PCR در حجم ۲۰ میکرولیتر شامل: یک چرخه و اسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴ دقیقه، ۳۲ چرخه (واسرشته‌سازی ۹۴ درجه سانتی‌گراد

از گونه‌های این جنس می‌باشد که در تمامی حوضه دجله و فرات پراکنش دارد (Coad, 1996). حوضه دجله و فرات در غرب ایران، سرشاخه‌هایی دارد که از طریق رودخانه‌های سیروان و زاب کوچک در استان کردستان به خاک عراق وارد می‌شود و در نهایت به خلیج فارس می‌ریزد (بهرامی کمانگر و همکاران، ۱۳۹۴). سیاه ماهی خالدار (*C. trutta*) یک گونه رودخانه‌زی می‌باشد. اگرچه این گونه هنوز نیاز به برنامه حفاظت خاصی ندارد (Freyhof, 2014) ولی با توجه به تغییرات انسان ساخت در اکوسیستم‌های آبی، اهمیت تجاری و اقتصادی آن در مناطق زیست، پتانسیل آن به عنوان گونه پرورشی (Kiabi *et al.*, 1999; Danabas *et al.*, 2011; Zadmajid, 2016) و همچنین فقدان اطلاعات کافی در مورد مهاجرت این گونه، نیاز است تا جمعیت‌های آن در مناطق دارای پراکنش مورد مطالعه قرار گیرد.

بررسی تنوع ژنتیکی می‌تواند اطلاعات مفیدی در ارزیابی جمعیت‌ها، گذشته و ساختار آنها و همچنین راه کارهای مدیریتی را برای گونه‌هایی که قابلیت پرورش دارند، ارائه دهد (Saad, 2012; Shabani *et al.*, 2013; Pourkhalooee *et al.*, 2017; Souza-Shibatta *et al.*, 2018) روش‌های مولکولی مختلف برای بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ماهیان استفاده می‌شود. از جمله Nshanگرهایی که امروزه جهت بررسی تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار می‌گیرد، روش‌های مبتنی بر رتروترانسپوزون‌ها می‌باشد (Kumar and Bennetzen, 1999)، این روش، تکرارپذیر و ساده است و چند شکلی<sup>۱</sup> زیادی را نشان می‌دهد (Yu and Wise, 2000). تعداد زیاد کپی رتروترانسپوزون‌ها در ژنوم، توزیع وسیع و تصادفی در کروموزوم، غالبیت و پلی‌مورفیسم الحافی و پایدار رتروترانسپوزون‌ها در بین و داخل گونه‌ها موجب شده است تا استفاده از آنها به عنوان یک Nshanگر مولکولی ایده‌آل مطرح گردد (Kalender *et al.*, 1999; Schulman *et al.*, 2004; Sabot and

<sup>2</sup> Inter-Retrotransposon Amplification Polymorphism

<sup>3</sup> Polymerase Chain Reaction (PCR)

<sup>1</sup> Polymorphism

افراد مورد مطالعه ماتریس صفر و یک (عدم وجود وجود) تعیین گردید. ماتریس بدست آمده در تعیین شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌ها شامل تعداد باندهای مشاهده شده، تعداد باندهای پلی‌مورف، درصد لوكوس پلی‌مورف، تعداد باندهای متفاوت، هتروزیگوستی مورد انتظار، شاخص اطلاعات شانون، تعداد آلل موثر، تعداد باند اختصاصی، مورد استفاده قرار گرفت. لوكوس‌هایی به عنوان پلی‌مورف در نظر گرفته شدند که فراوانی آللی آن بزرگتر یا مساوی ۰/۹۵ باشد. مقایسه مقادیر هتروزیگوستی و شاخص شانون در بین جمعیت‌های مختلف با تجزیه واریانس یک طرفه و مقایسه میانگین‌های آنها با آزمون دانکن انجام گرفت.

مدت ۴۰ ثانیه، اتصال آغازگر ۵۰-۵۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۰ ثانیه، بسط ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳ دقیقه) و یک چرخه بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه انجام شد. به منظور تفکیک باندهای تولید شده در واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز از الکتروفورز محصولات PCR بر روی ژل آگاروز ۲٪ استفاده گردید (Kalandar and Schulman, 2006). تکرار پذیری باندهای تشکیل شده با شش حالت از آغازگرهای مورد استفاده با انجام سه تکرار PCR از چهار نمونه نیز با هر حالت از ترکیب آغازگرها تعیین گردید (Cheraghi et al., 2018). بر اساس وزن مولکولی باندهای حاصل از واکنش PCR، برای هر باند در هر جایگاه ژنی و در

جدول ۱: مختصات جغرافیای مناطق صید و تعداد نمونه سیاه ماهی خالدار

Table 1: Geographical coordinates of the sampling sites

منطقه جغرافیایی	مختصات جغرافیایی (درجه، دقیقه)	تعداد نمونه	نام ایستگاه (جمعیت)
مریوان	۳۵° ۰' N ۴۶° ۲۶' E	۲۴	رودخانه روار
سیروان	۳۵° ۰' ۳' N ۴۶° ۳۶' E	۱۱	رودخانه سیروان
سیروان	۳۵° ۲۶' N ۴۶° ۵۸' E	۱۲	رودخانه قشلاق
سیروان	۳۴° ۵۶' N ۴۷° ۱۰' E	۱۲	رودخانه گاوه‌رود
بانه	۳۵° ۵۷' N ۴۵° ۴۱' E	۱۲	رودخانه چومان
بانه	۳۵° ۵۹' N ۴۵° ۴۴' E	۱۶	رودخانه شوی
بانه	۳۵° ۵۵' N ۴۵° ۴۲' E	۷	رودخانه گرماب

## نتایج

نتایج آزمون تکرارپذیری باندهای تشکیل شده با شش حالت از آغازگرهای مورد استفاده نشان داد که میزان تکرارپذیری باندها بالا می‌باشد. نتایج نشان داد که تکرارپذیری باندهای حاصل از آغازگر ۲۰۸۱ در چهار نمونه مورد آزمایش و در سه تکرار معادل ۹۳/۹ درصد، پرایمر ۲۰۸۰ معادل ۸۲/۹ درصد، پرایمر ۲۲۳۹ معادل ۹۰/۵ درصد، ترکیب پرایمرهای ۲۰۸۱ و ۹۱/۸ معادل ۹۱/۱ درصد، ترکیب پرایمرهای ۲۰۸۰ و ۲۲۳۹ معادل ۹۱/۷ درصد و باندهای حاصل از سه پرایمر مورد استفاده و در شش حالت استفاده شده به طور متوسط دارای ۹۰/۳۴ درصد تکرارپذیری می‌باشند. نتایج تجزیه و تحلیل ماتریس حاصل از سه آغازگر در شش ترکیب مورد استفاده، نشان داد که در هفت جمعیت مورد مطالعه آغازگر ۲۰۸۰ تعداد ۲۶ باند، آغازگر ۲۰۸۱ تعداد ۲۲ باند، آغازگر ۲۲۳۹ تعداد ۲۷ باند، ترکیب آغازگرهای ۲۰۸۰ و ۲۰۸۱ تعداد ۲۸ باند، ترکیب آغازگرهای ۲۰۸۰ و ۲۲۳۹ تعداد ۶۷

همچنین بررسی ساختار جمعیت‌ها با استفاده از سه روش تجزیه واریانس مولکولی، تعیین مقدار جربان ژنی در بین جمعیت‌ها و تجزیه به مختصات اصلی مورد بررسی قرار گرفت. تمامی شاخص‌های مذکور با استفاده از نرم‌افزار GenAIEx 6.41 تعیین شدند (Peakall and Smouse, 2012). تنوع بین جمعیتی با استفاده از فاصله ژنتیک نئی و دندروگرام حاصل از آن به روش<sup>1</sup> UPGMA تعیین گردید (Shannon and Weaver, 1949; Nei, 1972; Nei 1978). همچنین روابط خویشاوندی بین جمعیت‌ها با روش بیشینه پارسیمونی<sup>2</sup> با استفاده از نرم‌افزار Paup نسخه 4.0b10 تعیین گردید (Swofford, 2002; Perrier and Jacquemoud 2006).

<sup>1</sup> Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean

<sup>2</sup> Maximum parsimony (MP)

درصد باندهای پلیمورف، تعداد باندهای متفاوت و اختصاصی به ترتیب در جمعیت‌های روآر و گرم‌آب از مناطق مریوان و بانه مشاهده گردید (جدول ۲).

۲۲ باند و ترکیب آغازگهای ۲۰۸۱ و ۲۲۳۹ تعداد ۲۶ باند تشکیل داده‌اند. بیشترین و کمترین تعداد باندهای پلیمورف،

جدول ۲: شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیت مورد مطالعه سیاه ماهی خالدار در استان کردستان

Table 2: Intra-population genetic diversity indices in the seven studied longspine scraper populations in the Kurdistan Province

	تعداد باند اختصاصی	تعداد باند متفاوت	تعداد باندهای پلیمورف	درصد باندهای پلیمورف	تعداد کل باند	جمعیت
۱	۸۳	۴۶/۳۶	۷۰			چومان
۱	۷۱	۳۵/۷۶	۵۴			گرم‌آب
۵	۸۹	۴۹/۶۷	۷۵			شوی
۷	۹۵	۵۲/۳۲	۷۹		۱۵۱	گاوه‌رود
۱	۷۲	۳۸/۴۱	۵۸			سیروان
۴	۹۶	۵۶/۹۵	۸۶			قشلاق
۲۱	۱۰۸	۶۸/۲۱	۱۰۳			روآر

مورد بررسی است. بیشترین مقادیر این شاخص‌ها، مربوط به جمعیت روآر و کمترین آن مربوط به جمعیت گرم‌آب می‌باشد (جدول ۳).

مقایسه میانگین شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیت شامل هتروزیگوستی مورد انتظار، شاخص اطلاعات شانون و تعداد باند موثر نشان‌دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین هفت جمعیت

جدول ۳: مقادیر شاخص‌های تنوع ژنتیکی (میانگین  $\pm$  اشتباہ معیار) درون جمعیت‌های مورد بررسی سیاه‌ماهی خالدار در استان کردستانTable 3: The genetic diversity indices (mean  $\pm$  SEM) in the studied longspine scraper populations in the Kurdistan Province

جمعیت	تعداد باند موثر*	شاخص اطلاعات شانون*	هتروزیگوستی مورد انتظار*
چومان	۱/۲۳۷ $\pm$ ۰/۰۲۸ <sup>abc</sup>	۰/۲۱۷ $\pm$ ۰/۰۲۳ <sup>abc</sup>	۰/۱۴۲ $\pm$ ۰/۰۱۵ <sup>abc</sup>
گرم‌آب	۱/۱۸۶ $\pm$ ۰/۰۲۵ <sup>a</sup>	۰/۱۷۲ $\pm$ ۰/۰۲۰ <sup>a</sup>	۰/۱۱۲ $\pm$ ۰/۰۱۴ <sup>a</sup>
شوی	۱/۲۲۲ $\pm$ ۰/۰۲۷ <sup>ab</sup>	۰/۲۱۰ $\pm$ ۰/۰۲۱ <sup>ab</sup>	۰/۱۳۵ $\pm$ ۰/۰۱۴ <sup>ab</sup>
گاوه‌رود	۱/۲۸۲ $\pm$ ۰/۰۲۹ <sup>bcd</sup>	۰/۲۵۵ $\pm$ ۰/۰۲۲ <sup>bcd</sup>	۰/۱۶۸ $\pm$ ۰/۰۱۶ <sup>bcd</sup>
سیروان	۱/۲۳۲ $\pm$ ۰/۰۲۹ <sup>abc</sup>	۰/۲۰۰ $\pm$ ۰/۰۲۲ <sup>ab</sup>	۰/۱۳۴ $\pm$ ۰/۰۱۶ <sup>ab</sup>
قشلاق	۱/۳۱۰ $\pm$ ۰/۰۳۰ <sup>cd</sup>	۰/۲۷۸ $\pm$ ۰/۰۲۳ <sup>cd</sup>	۰/۱۸۳ $\pm$ ۰/۰۱۶ <sup>cd</sup>
روآر	۱/۳۵۰ $\pm$ ۰/۰۳۰ <sup>d</sup>	۰/۳۱۴ $\pm$ ۰/۰۲۲ <sup>d</sup>	۰/۲۰۷ $\pm$ ۰/۰۱۶ <sup>d</sup>
کل	۱/۲۶۰ $\pm$ ۰/۰۱۱	۰/۲۳۵ $\pm$ ۰/۰۰۸	۰/۱۵۴ $\pm$ ۰/۰۰۶

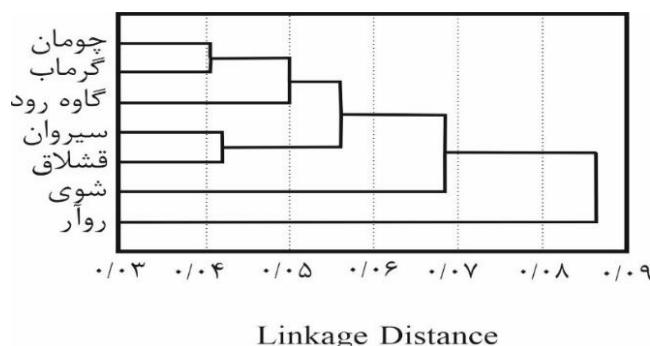
\*حروف متفاوت در هر ستون نشان‌دهنده تفاوت معنی‌دار شاخص مورد نظر بین جمعیت‌های مورد مطالعه در سطح ۵ درصد می‌باشد.

جغرافیایی صید انجام گرفت. نتایج تجزیه واریانس مولکولی با استفاده از ۱۰۰۰ جایگشت در جدول ۴ ارائه شده است. نتایج تجزیه واریانس مولکولی نشان‌دهنده معنی‌دار بودن واریانس مولکولی منابع تغییرات مورد بررسی می‌باشد. توزیع واریانس مولکولی نشان می‌دهد که ۹٪ تفاوت‌ها مربوط به بین مناطق جغرافیایی مورد بررسی، ۱۶٪ مربوط به بین جمعیت‌های مورد

دنдрوگرام حاصل از ماتریس فاصله ژنتیک نئی به روش UPGMA (شکل ۱)، نشان می‌دهد که شش جمعیت چومان، گرم‌آب، شوی، گاوه‌رود، قشلاق و سیروان از مناطق بانه و سیروان در یک خوشه و جمعیت روآر از مریوان در یک خوشه جداگانه قرار دارند. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های مورد مطالعه با روش تجزیه واریانس مولکولی، بر اساس مناطق

مناطق مریوان و بانه و کمترین فاصله PhiPT بین جفت جمعیت‌های چومان و گرمآب از منطقه بانه وجود دارد (جدول ۵). همچنین مقدار جریان ژنی (Nm) بین جمعیت‌های مورد بررسی در جدول ۶ ارائه شده است.

بررسی و ۷۵٪ مربوط به تفاوت‌های درون جمعیت‌ها می‌باشد. مقایسه جفتی مقادیر فاصله ژنتیک PhiPT جمعیت‌های مورد بررسی نشان دهنده تفاوت معنی‌دار مقایسه‌ها می‌باشد. بیشترین فاصله PhiPT بین جفت جمعیت‌های روآر و شوی از



شکل ۱: دندروگرام حاصل از فواصل ژنتیکی جمعیت‌های مورد بررسی سیاه ماهی خالدار به روش UPGMA

Figure 1: Genetic distance dendrogram of the studied populations of longspine scraper using UPGMA method

جدول ۴: نتایج تجزیه واریانس مولکولی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار استان کردستان

Table 4: Analysis of molecular variance in the studied longspine scraper populations in the Kurdistan Province.

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	اجزای واریانس	آماره Phi	سطح احتمال
بین مناطق	۲	۲۵۷/۸۱	۱/۹۹	.۰/۰۹۳	.۰/۰۰۱
بین جمعیت‌ها	۴	۲۱۱/۰۱	۲/۳۴	.۰/۱۷۳	.۰/۰۰۱
درون جمعیت‌ها	۸۴	۱۳۳۷/۳۵	۱۵/۹۲	.۰/۲۵۱	.۰/۰۰۱
کل	۹۰	۱۸۰۶/۱۷	۲۱/۲۵		

جدول ۵: مقایسه مقادیر PhiPT جفت جمعیت‌ها سیاه ماهی خالدار (نیمه پایین) و سطح احتمال مقایسه (نیمه بالا)

Table 5: The comparison of PhiPT values in the studied longspine scraper populations (low half) and their probability level (top half)

چومان	گرمآب	شوی	گاوه رود	سیروان	قشلاق	روآر	چومان
.۰/۰۱۳	.۰/۰۵۴	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱
.۰/۲۴۰	.۰/۱۳۸	.۰/۰۵۵	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱
.۰/۱۴۱	.۰/۱۳۸	.۰/۱۵۵	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱
.۰/۱۹۷	.۰/۰۰۸	.۰/۰۲۰	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱
.۰/۲۶۶	.۰/۰۰۶	.۰/۰۶۲	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱	.۰/۰۰۱
						.۰/۰۸۲	

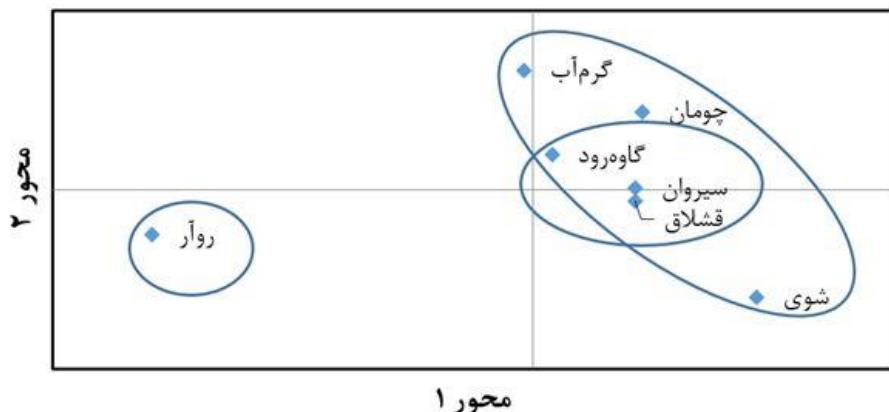
جدول ۶: ماتریس جریان ژن (Nm) بین جفت جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار استان کردستان

Table 6: The gene flow matrix (Nm) between pairwise longspine scraper populations in the Kurdistan Province

چشلاق	سیروان	گاوه‌رود	شوی	گرم‌آب	چومان	روآر	گرم‌آب
			۰/۷۴	۰/۷۹	۰/۳۹	۰/۶۹	شوی
		۰/۸۱	۱/۳۶	۱/۵۶	۱/۲۹	۰/۷۹	گاوه‌رود
	۱/۲۹	۱/۱۳	۱/۸۱	۱/۵۳	۱/۱۳	۰/۹۵	سیروان
۱/۶۸	۱/۱۵	۰/۷۸	۰/۹۵	۱/۰۲	۱/۰۲	۰/۴۸	چشلاق
۰/۶۴	۰/۷۵	۰/۸۳	۰/۷۱	۰/۶۹	۰/۶۹	۰/۷۵	روآر

دوم در مجموع  $68/38\%$  از تغییرات را بین جمعیت‌ها پوشش می‌دهد. در محور مختصات اول و دوم امکان تفکیک کامل جمعیت‌های مناطق بانه و سیروان وجود ندارد در حالی که جمعیت منطقه مریوان کاملاً از سایر مناطق جدا می‌باشد (شکل ۲).

بیشترین مقدار جریان ژن (تعداد مهاجرت در هر نسل) بین جفت جمعیت‌های چومان و گرم‌آب ( $4/39$ ) و کمترین بین جفت جمعیت‌های روآر و شوی ( $0/48$ ) مشاهده گردید. نتایج تجزیه به مختصات اصلی نشان داد که دو محور مختصات اول و



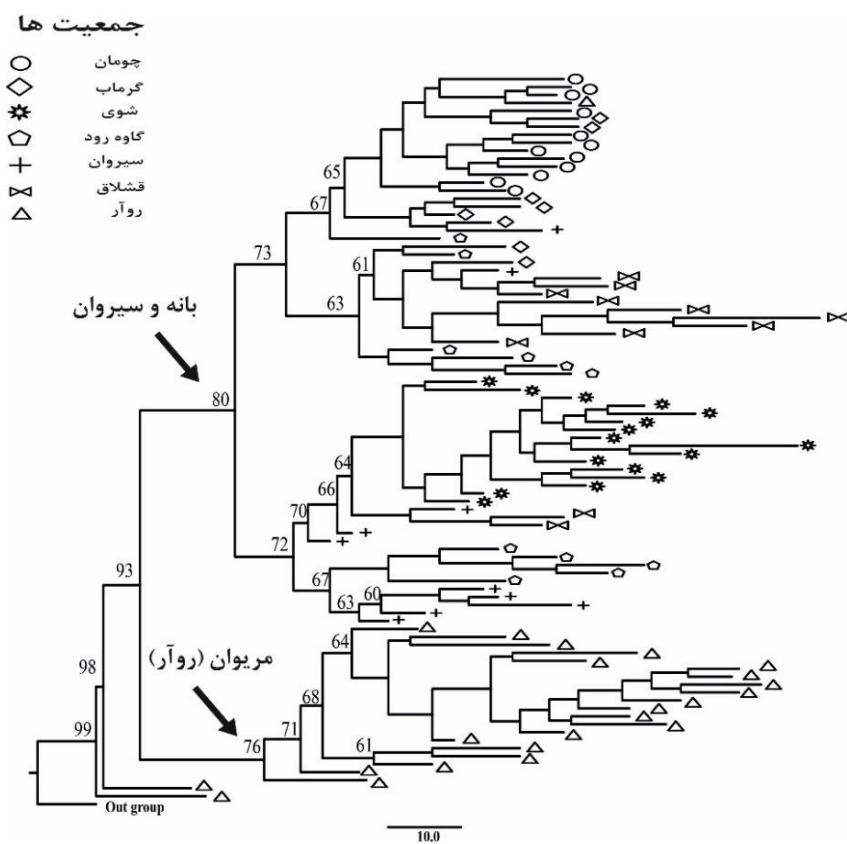
شکل ۲: نمودار پراکندگی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار استان کردستان به روش تجزیه به مختصات اصلی.

Figure 2: Scatter plot of principal coordinates analysis in the studied longspine scraper populations

سایر نمونه‌ها از جمعیت‌های روآر، سیروان و گاوه‌رود می‌باشد. همچنین در زیر کlad دو،  $82/35\%$  نمونه‌ها متعلق به جمعیت‌های چشلاق و گاوه‌رود و سایر نمونه‌ها از جمعیت‌های گرم‌آب و سیروان می‌باشند. اعضاء زیر کlad سوم شامل  $79/19\%$  از نمونه‌های جمعیت شوی و مابقی از جمعیت‌های سیروان و چشلاق می‌باشند. در زیر کlad چهارم  $100\%$  نمونه‌ها متعلق به منطقه سیروان می‌باشد.

نتایج بررسی درخت خویشاوندی حاصله از روش بیشینه پارسیمونی (MP) با  $1000$  جایگشت، دو کlad<sup>۱</sup> خواهri اصلی را با مقدار حمایت بالا ( $93$ ) نشان می‌دهد (شکل ۳). کlad اول (کlad مونوفیلیتیک) در بردارنده تنها نمونه‌های منطقه مریوان بود و کlad دوم (کlad پارافیلیتیک) در بردارنده جمعیت ماهیان مناطق بانه، سیروان و مریوان است. کlad دوم خود به چهار زیر کlad تقسیم شده است. از کل نمونه‌های موجود در زیر کlad یک،  $85/71\%$  آنها متعلق به جمعیت‌های چومان و گرم‌آب و

<sup>1</sup> Clade



شکل ۳: درخت روابط خویشاوندی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار استان کردستان به روش بیشینه پارسیمونی با استفاده از ۱۰۰۰ بوت استرپ  
**Figure 3: Maximum parsimony relationship tree in the studied longspine scraper populations in the Kurdistan province obtained by 1000 bootstrap**

بالاترین مقادیر شاخص‌های تغییرپذیری ژنتیکی و جمعیت گرم‌آب دارای کمترین می‌باشند. مقایسه مقادیر کل شاخص‌های تنوع در مطالعه حاضر با مقادیر گزارش شده پیشین (میرزایی و همکاران، ۱۳۹۵) از جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار در استان کردستان که با استفاده از نشانگر مولکولی ISSR بدست آمد، بسیار نزدیک است. با این وجود تعداد کل باند مشاهده شده با استفاده از نشانگر IRAP در پژوهش حاضر (۱۵۱) به طور قابل ملاحظه‌ای بیشتر از پژوهش پیشین (۵۶) با استفاده از نشانگر ISSR می‌باشد. همچنین تعداد باندهای پلی‌مورف در مطالعه حاضر بیشتر از مطالعه پیشین می‌باشد. این اختلاف می‌تواند به علت استفاده از نشانگر متفاوت باشد. چنین به نظر می‌رسد که نشانگر IRAP نشانگر قوی‌تری در مقایسه با نشانگر ISSR در تعیین تغییرپذیری ژنتیکی باشد.

دخت

ماهیان آب شیرین جزو موجوداتی هستند که بسیار در معرض خطر کاهش جمعیت و نابودی واقع شده‌اند (Dudgeon *et al.*, 2006; Cooke *et al.*, 2013). ایجاد تغییرات انسان ساخت از قبیل احداث سد، انتقال بین حوزه‌های، بهره‌برداری بیش از حد از منابع آبی و تغییرات اقلیمی می‌توانند منجر به محدود شدن زیستگاه‌های مناسب برای زیست این گونه‌ها گردند. لذا، درک میزان تنوع و ساختار ژنتیکی یک گونه نه تنها در برنامه‌ریزی‌های حفاظت گونه‌ها (Hermoso *et al.*, 2016) بلکه در برنامه‌های تکثیر و پرورش گونه‌های ماهیان مهم است (Ferguson, 1995; Thai *et al.*, 2007).

بررسی نتایج شاخص‌های تغییرپذیری ژنتیک در هفت جمعیت مورد بررسی سیاه ماهی خالدار استان کردستان نشان دهنده مقادیر متوسط این شاخص‌هاست. در بین جمعیت‌های مورد بررسی جمعیت‌های رواز، گاوه‌رود و قشلاق بهترتبیب دارای

---

<sup>1</sup> Inter Simple Sequence Repeat

۰/۰۵ گزارش شده است. این در حالی است که در مقایسه‌های بین گونه‌ای مقدار این فاصله  $0/03-0/61$  و به طور متوسط  $0/3$  گزارش شده است (Chakmehdouz *et al.*, 2011). با توجه به متوسط مقادیر گزارش شده، می‌توان چنین استنباط نمود که با وجود فاصله ژنتیک بالای جمعیت رواز از سایر جمعیت‌ها، جدایی گونه در این جمعیت بوجود نیامده است و ماهیان رواز متعلق به گونه سیاه ماهی خالدار می‌باشند. با این وجود مقدار این فاصله می‌تواند قابل توجه باشد.

نتایج تجزیه واریانس مولکولی با توجه به آماره PhiPT می‌تواند نشان‌دهنده وجود تمایز قوی بین جمعیت‌های مورد مطالعه باشد. آماره آماره‌ای همسان با آماره Fst می‌باشد که برای برآورده اجزاء واریانس در تجزیه واریانس مولکولی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Excoffier *et al.*, 1992). در خصوص تفسیر آماره Fst پیشنهاد شده است که دامنه  $-0/05-0/05$  نشان‌دهنده تمایز کم، دامنه  $0/05-0/15$  نشان‌دهنده تمایز متوسط و مقادیر  $0/15-0/25$  نشان‌دهنده تمایز بسیار قوی بین جمعیت‌های است (Wright, 1978; Balloux and Lugon-Moulin, 2002) مطالعات پیشین با استفاده از نشانگر ISSR در شش جمعیت سیاه ماهی خالدار استان کردستان (بدون جمعیت رواز) نشان‌دهنده مقدار تمایز متوسط در بین جمعیت‌های است (میرزایی و همکاران, ۱۳۹۵). وجود مقادیر بیشتر تمایز در مطالعه حاضر می‌تواند نشان‌دهنده تاثیر جمعیت رواز در مقایسه‌ها باشد. توزیع واریانس حاصل از تجزیه واریانس مولکولی انجام شده نشان داد که  $9\%$  واریانس مربوط به بین مناطق مورد مطالعه،  $16\%$  مربوط به بین جمعیت‌ها و  $75\%$  مربوط به تفاوت‌های درون جمعیتی می‌باشد. در گونه‌های ماهی مهاجر نسبت توزیع واریانس مولکولی در درون جمعیت‌ها  $85\%$  و در بین جمعیت‌ها  $15\%$  گزارش شده است. همچنین درخصوص ماهیان غیر مهاجر  $67/6\%$  واریانس مربوط به درون جمعیت‌ها و  $32/4\%$  مربوط به بین جمعیت‌ها گزارش شده است. این در حالی است برای جمعیت‌های مجزا درصد واریانس مولکولی درون جمعیتی  $21/3\%$  و بین جمعیتی  $78/7\%$  گزارش شده است (Vrijenhoek, 1998). بر این اساس، چنین به‌نظر می‌رسد که گونه سیاه ماهی خالدار اگرچه دارای مهاجرت می‌باشد، ولی جدایی زیستگاه جمعیت‌های مورد بررسی، موجب افزایش سهم مجموع واریانس بین جمعیتی و بین منطقه‌ای  $(25\%)$  در مقایسه با واریانس درون جمعیتی شده است ( $75\%$ ). اگرچه جمعیت‌های مورد بررسی تماماً متعلق به حوزه آبریز

همچنین متوسط هتروزیگوسمیتی مورد انتظار برای کل جمعیت‌های مورد بررسی در مطالعه حاضر کمی بیشتر از مقدار گزارش شده پیشین در گونه سیاه ماهی خالدار (میرزایی و همکاران, ۱۳۹۵) در استان کردستان می‌باشد. مقدار هتروزیگوسمیتی مورد انتظار در جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار از متوسط هتروزیگوسمیتی گزارش شده برای ماهیان آب شیرین، بیشتر می‌باشد (Ward *et al.*, 1994). در ماهیان آب شیرین، واحد جمعیت در اندازه رودخانه یا دریاچه محل زیست آنها تعیین می‌گردد. پس از دوران یخ‌بندان اولین عامل در تعیین سطح تنوع ژنتیکی از لحاظ تاریخی بستگی به آن دارد که چه تعداد ماهی، در چه زمان و از کدام محل، جمعیت ماهیان رودخانه یا دریاچه مورد نظر را بوجود آورده‌اند (Sato *et al.*, 2003). پس از تجمع اولیه جمعیت‌ها عوامل مختلف شامل جهش، جیavan ژن (مهاجرت)، انتخاب طبیعی و رانش ژنتیکی از جمله عوامل موثر در میزان تغییرپذیری ژنتیکی جمعیت‌ها محسوب می‌گردد (Tonteri *et al.*, 2007). جهش‌های مختلف به طور عده موجب افزایش تغییرپذیری ژنتیکی و رانش ژنتیکی در نتیجه کاهش اندازه جمعیت، موجب کاهش تغییرپذیری ژنتیکی در جمعیت‌های طبیعی جانوری می‌گردد (Frankham, 1996). تفاوت در مقادیر شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌های مورد بررسی، می‌تواند ناشی از اندازه متفاوت جمعیت‌های مورد مطالعه باشد. بزرگتر بودن این شاخص‌ها در جمعیت رواز می‌تواند تاییدی بر این مسئله باشد. زیرا جمعیت رواز در انتهای حوزه سیروان و در محل تلاقی با حوضه مربیان قرار دارد که زیستگاه بزرگتری در مقایسه با سایر مناطق مورد مطالعه است.

مقایسه مقادیر فاصله ژنتیکی نئی جمعیت‌های مورد بررسی و دندروگرام حاصل از این فواصل به روش UPGMA نشان داد که بیشترین فاصله‌ها بین جمعیت رواز و سایر جمعیت‌ها مشاهده می‌گردد. همچنین نتایج تجزیه به مختصات اصلی با استفاده از فاصله ژنتیک نئی نشان می‌دهد که اگر چه جمعیت‌های مورد مطالعه تا حدی با استفاده از محورهای مختصات اول و دوم قابل تفکیک می‌باشند ولی مناطق جغرافیایی بانه و سیروان قابل تفکیک از طریق آن نبوده است و تنها جمعیت رواز از سایر جمعیت‌ها قابل تفکیک است. این نتایج در تطابق با مقایسه‌های جفتی مقادیر PhiPT جمعیت‌های مورد بررسی است که به طور معنی‌دار بیشتر از صفر می‌باشند. مقدار فاصله ژنتیک نئی (Nei, 1972) در مقایسه جمعیت‌های یک گونه  $0/002-0/007$  و به طور متوسط

تغییرپذیری ژنتیکی در گونه سیاه ماهی خالدار دارد و امکان استفاده از آن در مطالعات تنوع ژنتیکی سایر گونه‌های ماهیان ممکن می‌باشد.

### تشکر و قدردانی

این پژوهش برگرفته از پایان‌نامه کارشناسی ارشد رشته شیلات نفر اول از نویسنده‌گان مقاله حاضر بوده است و کلیه هزینه‌های آن توسط دانشگاه کردستان تأمین شده است. لذا بدینوسیله مراتب تشکر و قدردانی خود را از دانشگاه کردستان بابت تأمین هزینه‌های آن بیان می‌داریم.

### منابع

- بهرامی کمانگر، ب..، رستمزاده، ج..، بهرام‌نژاد، ب..، قادری، ا..، پروکوویف، آ.. و نعلبنت، ت..، ۱۳۹۴. تهیه DNA بارکد و طبقه‌بندی ذخایر ماهی استان کردستان. گزارش نهایی طرح پژوهشی، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه کردستان، ۶۰ ص.
- عبدلی، ا..، ۱۳۷۸. ماهیان آبهای داخلی ایران. انتشارات موزه طبیعت و حیات وحش ایران. تهران. ۳۷۷ ص.
- میرزایی، ب..، علیزاده، ا..، بهرامی کمانگر، ب.. و ارشدی، ع..، ۱۳۹۵. تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار (*Capoeta trutta*) در استان کردستان با استفاده از نشانگرهای بین ریزماهواره‌ای. نشریه شیلات (منابع طبیعی ایران)، ۶۹(۲): ۲۷۳-۲۶۵.

**Balloux, F. and Lugon-Moulin, N., 2002.** The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular Ecology*, 11(1): 155-165. DOI: 10.1046/j.0962-1083.2001.01436.x

**Boronnikova, S. and Kalendar, R., 2010.** Using IRAP markers for analysis of genetic variability in populations of resource and rare species of plants. *Russian Journal of Genetics*, 46(1): 36-42. DOI: 10.1134/S1022795410010060

دجله محسوب می‌گردد، ولی تغییرات انسان ساخت بویژه احداث سدها بدون در نظر گرفتن مسیر مهاجرت ماهیان موجب جدایی نسبی آنها گردیده است. سازه‌های سد به عنوان یکی از عوامل اصلی در جدایی جمعیت‌های ماهیان آب شیرین و تمایز آنها شناخته شده است (Zhao et al., 2016). احداث سد دوکان در مسیر رودخانه زآب در کردستان عراق می‌تواند موجب جدایی کامل جمعیت ماهیان منطقه بانه از سایر جمعیت‌ها گردد. همچنین وجود سدهای قشلاق، گاوشن و ژاوه در حوزه سیروان منجر به جدایی جمعیت‌های منطقه سیروان گردیده است. با این وجود جمعیت سیروان می‌تواند در ارتباط با جمعیت روآر منطقه مریوان باشد. در خصوص جمعیت روآر، چنین بهنظر می‌رسد که با توجه به اینکه سازه انسان ساختی در سال‌های اخیر مسیر مهاجرت آن را سد ننموده ولی توانسته است که با جمعیت‌های پایین‌دست حوضه ارتباط داشته باشد و اندازه جمعیت موثر بزرگتری نسبت به سایر جمعیت‌ها داشته باشد. با این وجود احداث سد داریان در سال ۱۳۹۵ در پایین دست این منطقه ممکن است در آینده موجب افزایی بر ویژگی‌های ژنتیکی این جمعیت نیز گردد. بررسی مقادیر جریان ژئی بین جمعیت‌ها تا حدی دلالت بر این امر دارد. نتایج روابط خویشاوندی با استفاده از درخت‌های ترسیم شده به روش بیشینه پارسیمونی نشان داد که جمعیت روآر به صورت یک تک شاخه خواهی در مقایسه با دو منطقه بانه و سیروان یک کلاد مونوفیلیتیک را تشکیل می‌دهد. با این وجود تعدادی از افراد جمعیت روآر در زیر کلاد یک از کلاد مناطق بانه و سیروان قرار دارند که این می‌تواند نشان دهنده عدم تفکیک کامل جمعیت روآر از سایر مناطق مورد مطالعه باشد.

نتایج این مطالعه نشان داد که میزان تغییرپذیری ژنتیکی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار در استان کردستان متوسط می‌باشد. همچنین اگرچه جمعیت سیاه ماهی خالدار منطقه مریوان تقاضات‌هایی با سایر جمعیت‌های مورد مطالعه دارد، ولی وجود مشابهت‌های بیشتر آنها مانع از جدایی کامل آن از سایر جمعیت‌ها شده است. با این وجود ماهیان متعلق به هر جمعیت از مناطق جغرافیایی مورد بررسی با توجه به داشتن باندهای اختصاصی، قابل تفکیک از یکدیگر می‌باشند. از سوی دیگر، استفاده از نشانگر IRAP در این مطالعه در تعیین شاخص‌های تنوع ژنتیکی و مقایسه نتایج آن با نتایج پیشین با استفاده از نشانگر ISSR نشان داد که نشانگر IRAP نه تنها یک نشانگر تکارپذیر است، بلکه قدرت بالاتری در تعیین میزان

- Cawthorn, D.M., Steinman, H.A. and Witthuhn, R.C., 2011.** Comparative study of different methods for the extraction of DNA from fish species commercially available in South Africa. *Food Control*, 22(30): 231-244. DOI: 10.1016/j.foodcont.2010.07.003
- Chakmehdouz, F., Pourkazemi, M., Tavakolli, M., Yarmohammadi, M., Hassanzadeh, M. and Baradaran Noveiri, S., 2011.** Application of microsatellite markers to determine populations of the Persian sturgeon (*Acipenser persicus*) in the South of Caspian Sea. *Iranian Journal of Fisheries Sciences*, 10(6): 596-606. DOI: 10.22092/IJFS.2018.114166
- Cheraghi, A., Rahmani, F. and Hassanzadeh-Ghortapeh, A., 2018.** IRAP and REMAP based genetic diversity among varieties of *Lallemandia iberica*. *Molecular Biology Research Communications*, 7(3): 125-132. DOI: 10.22099/mbrc.2018.29924.1327
- Coad, B.W., 1987.** Zoogeography of the Freshwater Fishes of Iran. In: Krupp F., Schneider W. and Kinzelbach R. (eds), Proceedings of the Symposium on the Fauna and Zoogeography of the Middle East, Mainz. Beihefte zum Tübinger Atlas des Vorderen Orients, Reihe A (Naturwissenschaften) Wiesbaden, 28(10): 213-228.
- Coad, B.W., 1996.** Zoogeography of the fishes of the Tigris-Euphrates basin. *Zoology in Middle East*, 13: 51-70. DOI: 10.1080/09397140.1996.10637706
- Cooke, S.J., Lapointe, N.W.R., Martins, E.G., Thiem, J.D., Raby, G.D., Taylor, M.K., Beard, J.R. and Cowx, I.G., 2013.** Failure to engage the public in issues related to inland fishes and fisheries: strategies for building public and political will to promote meaningful conservation. *Journal of Fish Biology*, 83(12): 997-1018. DOI: 10.1111/jfb.12222
- Danabas, D., Benzer, F., Kaplan, O. and Yildirim, N.C., 2011.** Levels of copper in liver, muscle and gill tissues in *Capoeta trutta* (Heckel, 1843) from Munzur River, Turkey. *African Journal of Agricultural Research*, 6(10): 1909-1912. DOI: 10.5897/AJAR11.217
- Dudgeon, D., Arthington, A.H., Gessner, M.O., Kawabata, Z.I. and Knowler, D.J., 2006.** Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biological Reviews*, 81(21): 163-182. DOI: 10.1017/S1464793105006950
- Excoffier, L., Smouse, P.E. and Quattro, J.M., 1992.** Analysis of molecular variance inferred from metric distances among dna haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(20): 479-491. DOI: 10.1093/genetics/131.2.479
- Ferguson, M., 1995.** The role of molecular genetic markeres in the management of cultured fishes. In: Carvalho GR, Pitcher TJ (eds) Molecular genetics in fisheries. Chapman and Hall, London, pp 81-103. DOI: 10.1007/978-94-011-1218-5\_4
- Fokina, O., Grauda, D. and Rashal, I., 2015.** Genetic diversity of two perch (*Perca fluviatilis*) populations of the Latgale region. Environment Technology Resources, Proceedings of the 10<sup>th</sup> International Scientific and Practical Conferenc, 2(2): 96-98. DOI: 10.17770/etr2015vol2.280
- Frankham, R., 1996.** Relationship of genetic variation to population size in wildlife. *Conservation Biology*, 10(2): 1500-1508. DOI: 10.1046/j.1523-1739.1996.10061500.x
- Freyhof, J., 2014.** *Capoeta trutta*. The IUCN Red List of Threatened Species 2014: e.T19027513A19222908. DOI:

10.2305/IUCN.UK.2014-

1.RLTS.T19027513A19222908.en

- Gholamzadeh Khoei, S., Abdollahi Mandoulakani, B. and Bernousi, I., 2015.** Genetic diversity in iranian melon populations and hybrids assessed by IRAP and REMAP markers. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 17(5): 1267-1277.
- Hermoso, V., Kennard, M.J., Schmidt, D.J., Bond, N., Huey, J.A., Mondol, R. K., Jamandre, B.W. and Hughes, J.M., 2016.** Species distributions represent intraspecific genetic diversity of freshwater fish in conservation assessments. *Freshwater Biology*, 61(20): 1707-1719. DOI: 10.1111/fwb.12810
- Kalendar, R. and Schulman, A.H., 2006.** IRAP and REMAP for retrotransposon-based genotyping and fingerprinting. *Nature Protocols*, 1(3): 2478-2484. DOI: 10.1038/nprot.2006.377
- Kalendar, R., Grob, T., Regina, M., Suoniemi, A. and Schulman, A., 1999.** IRAP and REMAP: two new retrotransposon-based DNA fingerprinting techniques. *Springer*, 98(2): 704-711. DOI: 10.1007/s001220051124
- Kiabi, B.H., Abdoli, A. and Naderi, M., 1999.** Status of the fish fauna in the South Caspian Basin of Iran. *Zoology in the Middle East*, 18(1): 57-65. DOI: 10.1080/09397140.1999.10637782
- Kumar, A. and Bennetzen, J., 1999.** Plant retrotransposons. *Annual Review of Genetics*, 33(20): 479-532. DOI: 10.1146/annurev.genet.33.1.479
- Levin, B.A., Freyhof, J., Lajbner, Z., Perea, S., Abdoli, A., Gaffaroglu, M. and Doadrio, I., 2012.** Phylogenetic relationships of the algae scraping cyprinid genus *Capoeta* (Teleostei: Cyprinidae). *Molecular Phylogenetics and*

*Evolution*, 62(1): 542-549. DOI: 10.1016/j.ympev.2011.09.004

- Marwa, M., Shehata, L., Sayed Fatma, M., Badawy, M. and Eman, Fahmy. M., 2015.** Assessment of genetic diversity in yeast and barley by retrotransposon-based molecular markers. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 44:371-385. DOI: 10.21608/EJGC.2015.9721
- Nei, M., 1972.** Genetic distance between populations. *American Society of Naturalists*, 106(20): 283-292. DOI: 10.1086/282771
- Nei, M., 1978.** Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(12): 583-590.
- Peakall, R. and Smouse, P.E., 2012.** GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 28(19): 2537-2539. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460
- Perrier, X. and Jacquemoud-Collet, J.P., 2006.** DARwin Software. [(Accessed on 30 January 2019)]; Available online: <http://darwin.cirad.fr/darwin>
- Pourkhalee, A., Khosh-Khui, M., Arens, P., Salehi, H., Razi, H., Niazi, A., Afsharifar, A. and Van Tuyl, J., 2017.** Genetic diversity and population structure of iranian tulips revealed by EST-SSR and NBS-LRR markers. *International Journal of Horticultural Science and Technology*, 4(2): 167-182. DOI: 10.22059/ijhst.2018.252004.217
- Saad, Y., 2012.** Genetic diversity among some tilapia species based on ISSR markers. *Life Science Journal*, 9(4): 4841-4846.
- Sabot, F. and Schulman, A.H., 2007.** Template switching can create complex LTR retrotransposon insertions in Triticeae genomes.

- BMC Genomics*, 8(12): 247-251. DOI: 10.1186/1471-2164-8-247
- Sato, A., Takezaki, N., Tichy, H., Figueroa, F., Mayer, W.E. and Klein, J., 2003.** Origin and speciation of haplochromine fishes in east African crater lakes investigated by the analysis of their mtDNA, Mhc genes, and SINEs. *Molecular Biology and Evolution*, 20(9): 1448–1462. DOI:10.1093/molbev/msg151
- Schulman, A.H., Flavell, A. and Ellis, T., 2004.** The application of LTR retrotransposons as molecular marker in plant. *Methods in Molecular Biology*, 260(25): 145-173. DOI: 10.1385/1-59259-755-6:145
- Schulman, A.H., 2007.** Molecular markers to assess genetic diversity. *Euphytica*, 158(10): 313-321. DOI: 10.1007/s10681-006-9282-5
- Shabani, A., Askari, G. and Moradi, A., 2013.** Genetic variation of *Garra rufa* fish in Kermanshah and Bushehr provinces, Iran, using SSR microsatellite markers. *Molecular Biology Research Communications*, 2(3): 81-88. DOI: 10.22099/mbrcc.2013.1665
- Shannon, Claude E. and Weaver, W., 1949.** A mathematical model of communication. Urbana, IL: University of Illinois Press.
- Souza-Shibatta, L., Kotelok-Diniz, T., Ferreira, D.G., Shibatta, O.A., Sofia, S.H., de Assumpção, L., Pini, S., Makrakis, S. and Makrakis, M.C., 2018.** Genetic diversity of the endangered Neotropical Cichlid fish (*Gymnogeophagus setequeadas*) in Brazil. *Front Genet*, 9: 13. DOI: 10.3389/fgene.2018.00013
- Swofford, D.L., 2002.** PAUP. Phylogenetic analysis using parsimony (and other methods). Version 4.0b10. January 2002. DOI: 10.1111/j.0014-3820.2002.tb00191.x
- Thai, B.T., Burridge, C.P. and Austin, C.M., 2007.** Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) in Vietnam using four microsatellite loci. *Aquaculture*, 269(23): 174–186. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2007.05.017
- Tonteri, A., Veselov, A.J.E., Titov, S., Lumme, J. and Primmer, R., 2007.** The effect of migratory behaviour on genetic diversity and population divergence: a comparison of anadromous and freshwater Atlantic salmon *Salmo salar*. *Journal of Fish Biology*, 70 (20): 381–398. DOI: 10.1111/j.1095-8649.2007.01519.x
- Vrijenhoek, R.C., 1998.** Conservation genetics of freshwater fish. *Journal of Fish Biology*, 53: 394-412. DOI: 10.1111/j.1095-8649.1998.tb01039.x
- Ward, R.D., Woodward, M. and Skibinski, D.O.F., 1994.** A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. *Journal of Fish Biology*, 44(3): 213-232. DOI: 10.1111/j.1095-8649.1994.tb01200.x
- Wright, S., 1978.** Evolution and the genetics of populations. University of Chicago press, Chicago, 590 p.
- Yu, G.X. and Wise, R.P., 2000.** An anchored AFLP- and retrotransposon-based map of diploid Avena. *Genome*, 43(12): 736-749. DOI: 10.1139/g00-037
- Zadmajid, V., 2016.** Comparative effects of human chorionic gonadotropin (hCG) and Ovaprim (sGnRHa + domperidone) on the reproductive characteristics of wild-caught male Longspine scraper, *Capoeta trutta* (Heckel, 1843). *Aquaculture*, 463: 7-15. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2016.05.029.
- Zhao, L., Chenoweth, E., Liu, J. and Liu, Q., 2016.** Effects of dam structures on genetic diversity of freshwater fish *Sinibrama macrops* in Min River, China. *Biochemical Systematics and Ecology*, 68, 216-222. DOI: 10.1016/j.bse.2016.07.022.

## Evaluation of genetic variability of longspine scraper *Capoeta trutta* (Heckel, 1843) populations from Kurdistan province using IRAP markers

Mehrabani, Z.<sup>1</sup>, Bahrami Kamangar, B.<sup>1,2\*</sup>, Ghaderi, E.<sup>1</sup>

\*bbkamangar@uok.ac.ir

1-Department of Fisheries, Faculty of Natural Resources, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

2-Department of Zrebar Lake, Environmental Research, Kurdistan Studies Institute, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

### Abstract

Genetic variability of longspine scraper populations from the Choman, Shui, Garmab (Baneh region), Gheshlagh, Sirvan, Gaveh-Rud (Sirvan region), Rowar (Marivan region) of Kurdistan province were examined using Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism markers (IRAP) method. IRAP molecular markers data analysis showed the highest and the lowest number of bands, polymorphic bands, percent of polymorphic bands, number of different bands, number of private bands, number of effective bands, Shannon's information index and expected heterozygosity in the Rowar and the Garmab populations, respectively. The highest and the lowest genetic distance was observed between the Rowar and the Shui populations and between the Choman and the Garmab populations, respectively. The molecular variance analysis results revealed that 9% of genetic variance was between geographic regions, 16% among and 75% within the populations. The highest and lowest gene flow rates (number of migrations per generation) were observed among the Choman, Garmab, Rowar and Shui populations, respectively. Phylogenetic relationships of the populations were evaluated using the maximum parsimony methods. Phylogenetic analysis showed that the Marivan region is in a sister clade with the regions of Baneh and Sirvan. The results of this study showed that although the longspine scraper population of Marivan region was different from other populations, the existence of similarities prevents its complete separation. However, fish belonging to each population of the studied geographical areas can be distinguished by their private bands. The results of this research showed that the IRAP marker has high reproducibility and greater power in detecting genetic diversity and can be used effectively to study the genetic diversity of fish, including the longspine scraper species.

**Keywords:** *Capoeta trutta*, Morphological traits, IRAP marker, Genetic variability

\*Corresponding author