مقاله علمی – پژوهشی:

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

زهرا مهربانی[۱]، برزان بهرامی کمانگر*[۱و۲]، ادریس قادری[۱]

*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 دریافت: فروردین ۱۳۹۹ تاریخ پذیرش: تیر 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 نشان‌داد 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 هتروزیگوسیتی مورد انتظار به‌ترتیب مربوط به جمعیت‌های روآر و گرماب می‌باشند. 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) به‌ترتیب بین جمعیت‌های چومان و گرم‌آب و روآر و شوی مشاهده شد. بررسی روابط خویشاوندی جمعیت‌ها با روش بیشینه پارسیمونی نشان‌داد که جمعیت‌های منطقه مریوان در یک تک شاخه خواهری با جمعیت‌های مناطق بانه و سیروان قرار دارند. نتایج این پژوهش نشان‌داد که اگرچه جمعیت سیاه ماهی خالدار منطقه مریوان تفاوت‌هایی با سایر جمعیت‌ها داشت، ولی وجود شباهت‌ها مانع از جدایی کامل آن می باشد. 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

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

مقدمه

جنس *Capoeta* یکی از جنس‌های خانواده کپورماهیان می‌باشد که پراکنش آن از ترکیه تا افغانستان گزارش گردیده است و از لحاظ جغرافیای زیستی به سه گروه ایران- آناتولی، آرال- کاسپین و دجله- فرات تقسیم‌بندی شده است (Levin *et al.*, 2012). گونه *Capoeta trutta* (Heckel, 1843) یکی 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; Pourkhaloee *et al.*, 2017; Souza-Shibatta *et al.*, 2018). روش‌های مولکولی مختلف برای بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ماهیان استفاده می‌شود. از جمله نشانگرهایی 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[1] زیادی را نشان می‌دهد (Yu and Wise, 2000). تعداد زیاد کپی رتروترنسپوزون‌ها در ژنوم، توزیع وسیع و تصادفی در کروموزوم، غالبیت و پلی‌مورفیسم الحاقی و پایدار رتروترانسپوزون‌ها در بین و داخل گونه‌ها موجب شده است تا استفاده از آنها به عنوان یک نشانگر مولکولی ایده‌آل مطرح گردد (Kalendar *et al.*, 1999; Schulman *et al.*, 2004; Sabot and Schulman, 2007; Schulman, 2007). نشانگر IRAP[2] یک نشانگر مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون می‌باشد. از این نشانگر برای مطالعه تنوع ژنتیکی در قارچها (Marwa *et al.*, 2015) و گونه‌های گیاهی استفاده شده است (Boronnikova and Kalendar, 2010; Gholamzadeh Khoei *et al.*, 2015; Cheraghi *et al.*, 2018). استفاده از این نشانگر در گونه‌های جانوری تنها منحصر به یک مطالعه بوده که در آن به بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های سوف‌ماهی 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 نشانگر IRAP و همچنین مقایسه نتایج آن با داده‌های پیشین در این گونه (میرزایی و همکاران، ۱۳۹۵) انجام گرفته است.

مواد و روش کار

نمونه‌برداری 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 عبدلی (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 نشانگر IRAP که پیش‌تر در مطالعه Fokina و همکاران (۲۰۱۵) طراحی شده است، در شرایط واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز[3] استفاده شد. آغازگرهای مورد استفاده شامل آغازگر ۲۰۸۰ (5'-CAGACGGCGCCA-3')، ۲۰۸۱ (5'-GCAACGGCGCCA-3') و ۲۲۳۹ (5'-ACCTAGGCTCGGATGCCA-3') و شرایط بهینه برای انجام واکنش‌های PCR در حجم ۲۰ میکرولیتر شامل: یک چرخه واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴ دقیقه، ۳۲ چرخه (واسرشته‌سازی ۹۴ درجه سانتی‌گراد

[1] Polymorphism

[2] Inter-Retrotransposon Amplification Polymorphism

[3] Polymerase Chain Reaction (PCR)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]
[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

مدت ۴۰ ثانیه، اتصال آغازگر ۵۵-۵۰ 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 (Kalendar and Schulman, 2006). تکرارپذیری 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 افراد مورد مطالعه ماتریس صفر و یک (عدم وجود و وجود)تعیین گردید. ماتریس بدست آمده در تعیین شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌ها شامل تعداد باندهای مشاهده شده، تعداد باندهای پلی‌مورف، درصد لوکوس پلی‌مورف، تعداد باندهای متفاوت، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، شاخص اطلاعات شانون، تعداد آلل موثر، تعداد باند اختصاصی، مورد استفاده قرار گرفت. لوکوس‌هایی به عنوان پلی‌مورف در نظر گرفته شدند که فراوانی آللی آن بزرگتر یا مساوی ۰/۹۵ باشد. مقایسه مقادیر هتروزیگوسیتی و شاخص شانون در بین جمعیت‌های مختلف با تجزیه واریانس یک طرفه و مقایسه میانگین‌های آنها با آزمون دانکن انجام گرفت.

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

Table 1: Geographical coordinates of the sampling sites

نام ایستگاه (جمعیت)	تعداد نمونه	مختصات جغرافیایی (درجه، دقیقه)	منطقه جغرافیایی
رودخانه روار	۲۴	۳۵° ۰۹' N ۴۶° ۲۶' E	مریوان
رودخانه سیروان	۱۱	۳۵° ۰۳' N ۴۶° ۳۶' E	سیروان
رودخانه قشلاق	۱۲	۳۵° ۲۶' N ۴۶° ۵۸' E	سیروان
رودخانه گاوه‌رود	۱۲	۳۴° ۵۶' N ۴۷° ۱۰' E	سیروان
رودخانه چومان	۱۲	۳۵° ۵۷' N ۴۵° ۴۱' E	بانه
رودخانه شوی	۱۶	۳۵° ۵۹' N ۴۵° ۴۴' E	بانه
رودخانه گرماب	۷	۳۵° ۵۵' N ۴۵° ۴۲' E	بانه

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

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 ۲۲۳۹ معادل ۹۱/۱، ترکیب پرایمرهای ۲۰۸۰ و ۲۰۸۱ معادل ۹۱/۸ 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

[1] Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean

[2] Maximum parsimony (MP)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

۲۲ باند و ترکیب آغازگرهای ۲۰۸۱ و ۲۲۳۹ تعداد ۲۶ باند تشکیل داده‌اند. بیش‌ترین و کم‌ترین تعداد باندهای پلی‌مورف، درصد باندهای پلی‌مورف، تعداد باندهای متفاوت و اختصاصی به‌ترتیب در جمعیت‌های روآر و گرم‌آب از مناطق مریوان و بانه مشاهده گردید (جدول ۲).

جدول ۲: شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیتی در هفت 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

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

مقایسه میانگین شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیت شامل هتروزیگوسیتی مورد انتظار، شاخص اطلاعات شانون و تعداد باند موثر نشان‌دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین هفت جمعیت مورد بررسی است. بیش‌ترین مقادیر این شاخص‌ها، مربوط به جمعیت روآر و کم‌ترین آن مربوط به جمعیت گرماب می‌باشد (جدول ۳).

جدول ۳: مقادیر شاخص‌های تنوع ژنتیکی (میانگین ± اشتباه معیار) درون جمعیت‌های مورد بررسی سیاه‌ماهی خالدار در استان کردستان

Table 3: The genetic diversity indices (mean ± SEM) in the studied longspine scraper populations in the Kurdistan Province

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

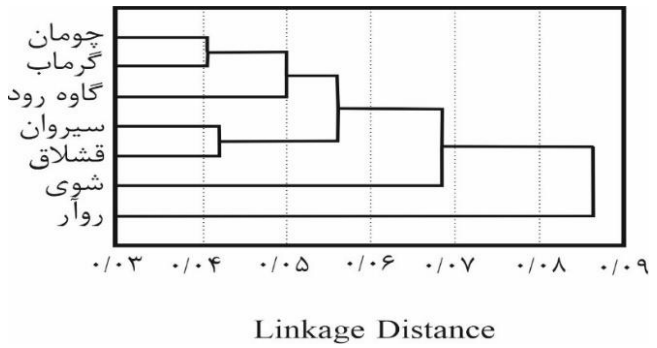
*حروف متفاوت در هر ستون نشان دهنده تفاوت معنی‌دار شاخص مورد نظر بین جمعیت‌های مورد مطالعه در سطح ۵ درصد می‌باشد.

دندروگرام 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 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

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

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 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.



شکل ۱: دندروگرام حاصل از فواصل ژنتیکی جمعیت‌های مورد بررسی سیاه ماهی خالدار به روش UPGMA
Figure 1: Genetic distance dendogram 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	۳/۳۴	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	گاوه‌رود	سیروان	قشلاق	روآر
چومان		۰/۰۱۳	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱
گرم‌آب	۰/۰۵۴		۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱
شوی	۰/۲۴۰	۰/۲۵۲		۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱
گاوه‌رود	۰/۱۳۸	۰/۱۵۵	۰/۲۳۵		۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱
سیروان	۰/۱۴۱	۰/۱۲۱	۰/۱۸۱	۰/۱۶۲		۰/۰۰۱	۰/۰۰۱
قشلاق	۰/۱۹۷	۰/۲۰۸	۰/۲۴۳	۰/۱۷۹	۰/۱۲۹		۰/۰۰۱
روآر	۰/۲۶۶	۰/۲۶۲	۰/۳۴۲	۰/۲۳۲	۰/۲۵۱	۰/۲۸۲	

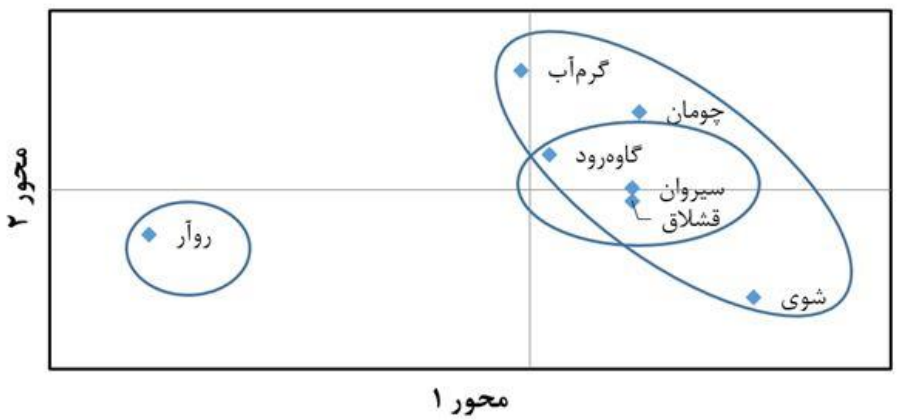
[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]
[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

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

	چومان	گرم‌آب	شوی	گاوه‌رود	سیروان	قشلاق
گرم‌آب	۴/۳۹					
شوی	۰/۷۹	۰/۷۴				
گاوه‌رود	۱/۵۶	۱/۳۶	۰/۸۱			
سیروان	۱/۵۳	۱/۸۱	۱/۱۳	۱/۲۹		
قشلاق	۱/۰۲	۰/۹۵	۰/۷۸	۱/۱۵	۱/۶۸	
روآر	۰/۶۹	۰/۷۱	۰/۴۸	۰/۸۳	۰/۷۵	۰/۶۴

بیشترین مقدار جریان ژن (تعداد مهاجرت در هر نسل) بین جفت جمعیت‌های چومان و گرم‌آب (۴/۳۹) و کمترین بین جفت جمعیت‌های روآر و شوی (۰/۴۸) مشاهده گردید. نتایج تجزیه به مختصات اصلی نشان داد که دو محور مختصات اول و دوم در مجمع ۶۸/۳۸٪ از تغییرات را بین جمعیت‌ها پوشش می‌دهد. در محور مختصات اول و دوم امکان تفکیک کامل جمعیت‌های مناطق بانه و سیروان وجود ندارد در حالی‌که جمعیت منطقه مریوان کاملاً از سایر مناطق جدا می‌باشد (شکل ۲).



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

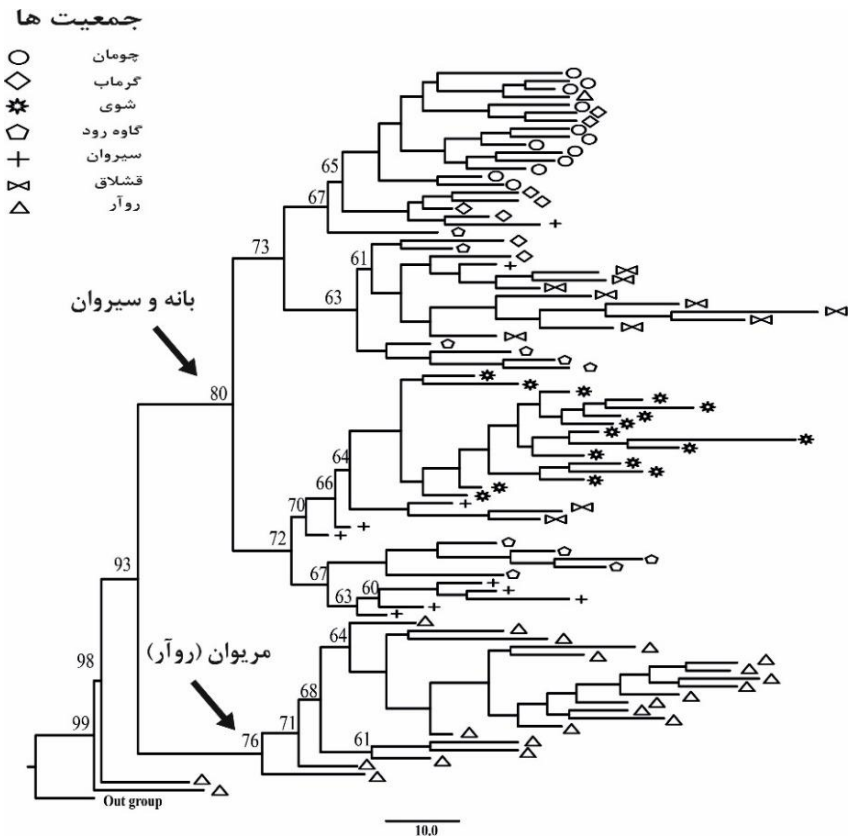
Figure 2: Scatter plot of principal coordinates analysis in the studied longspine scraper populations

نتایج بررسی درخت خویشاوندی حاصله از روش بیشینه پارسیمونی (MP) با ۱۰۰۰ جایگشت، دو کلاد[1] خواهری اصلی را با مقدار حمایت بالا (۹۳) نشان می‌دهد (شکل ۳). کلاد اول (کلاد مونوفیلیتیک) در بردارنده تنها نمونه‌های منطقه مریوان بود و کلاد دوم (کلاد پارافیلتیک) در بردارنده جمعیت ماهیان مناطق بانه، سیرون و مریوان است. کلاد دوم خود به چهار زیر کلاد تقسیم شده است. از کل نمونه‌های موجود در زیر کلاد یک، ۸۵/۷۱٪ آنها متعلق به جمعیت‌های چومان و گرم‌آب و سایر نمونه‌ها از جمعیت‌های روآر، سیروان و گاوه‌رود می‌باشد. همچنین در زیر کلاد دو، ۸۲/۳۵٪ نمونه‌ها متعلق به جمعیت‌های قشلاق و گاوه‌رود و سایر نمونه‌ها از جمعیت‌های گرم‌آب و سیروان می‌باشند. اعضاء زیر کلاد سوم شامل ۷۹/۱۹٪ از نمونه‌های جمعیت شوی و مابقی از جمعیت‌های سیروان و قشلاق می‌باشند. در زیر کلاد چهارم ۱۰۰٪ نمونه‌ها متعلق به منطقه سیروان می‌باشد.

[1] Clade

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]



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

بحث

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 حوزه‌ای، 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 نشان‌دهنده مقادیر متوسط این شاخص‌هاست. در بین جمعیت‌های مورد بررسی جمعیت‌های روآر، گاوه‌رود و قشلاق به‌ترتیب دارای 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[1] 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 به‌نظر می‌رسد که نشانگر IRAP نشانگر قوی‌تری در مقایسه با نشانگر ISSR در تعیین تغییرپذیری ژنتیکی باشد.

[1] Inter Simple Sequence Repeat

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

همچنین متوسط هتروزیگوسیتی 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 هتروزیگوسیتی مورد انتظار در جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار از متوسط هتروزیگوسیتی 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، جریان ژن (مهاجرت)، انتخاب طبیعی و رانش ژنتیکی از جمله عوامل موثر در میزان تغییرپذیری ژنتیکی جمعیت‌ها محسوب می‌گردند (Tonteri *et al*., 2007). جهش‌های مختلف به طور عمده 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 روآر می‌تواند تاییدی بر این مسئله باشد. زیرا جمعیت روآر در انتهای حوزه سیروان و در محل تلاقی با حوضه مریوان 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 روآر 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 روآر 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 ۰/۰۷-۰/۰۰۲ و به طور متوسط ۰/۰۵ گزارش شده است. این در حالی است که در مقایسه‌های بین گونه‌ای مقدار این فاصله ۰/۶۱-۰/۰۳ و به طور متوسط ۰/۳ 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 روآر از سایر جمعیت‌ها، جدایی گونه در این جمعیت بوجود نیامده است و ماهیان روآر 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 PhiPT، آماره‌ای همسان با آماره Fst می‌باشد که برای برآورد اجزاء واریانس در تجزیه واریانس مولکولی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Excoffier *et al*., 1992). در خصوص تفسیر آماره Fst پیشنهاد شده است که دامنه ۰/۰۵-۰ نشان‌دهنده تمایز کم، دامنه ۰/۱۵-۰/۰۵ نشان دهنده تمایز متوسط و مقادیر ۰/۲۵-۰/۱۵ نشان‌دهنده وجود تمایز زیاد و مقادیر بالاتر نشان دهنده تمایز بسیار قوی بین جمعیت‌هاست (Wright, 1978; Balloux and Lugon-Moulin, 2002). مطالعات پیشین با استفاده از نشانگر ISSR در شش جمعیت سیاه ماهی خالدار استان کردستان (بدون جمعیت روآر) نشان‌دهنده مقدار تمایز متوسط در بین جمعیت‌هاست (میرزایی و همکاران، ۱۳۹۵). وجود مقادیر بیشتر تمایز در مطالعه حاضر می‌تواند نشان دهنده تاثیر جمعیت روآر در مقایسه‌ها باشد. توزیع واریانس حاصل از تجزیه واریانس مولکولی انجام شده نشان داد که ۹٪ واریانس مربوط به بین مناطق مورد مطالعه، ۱۶٪ مربوط به بین جمعیت‌ها و ۷۵٪ مربوط به تفاوت‌های درون جمعیتی می‌باشد. در گونه‌های ماهی مهاجر نسبت توزیع واریانس مولکولی در درون جمعیت‌ها ۸۵٪ و در بین جمعیت‌ها ۱۵٪ گزارش شده است. همچنین درخصوص ماهیان غیر مهاجر ۶۷/۶٪ واریانس مربوط به درون جمعیت‌ها و ۳۲/۴٪ مربوط به بین جمعیت‌ها گزارش شده است. این در حالی است برای جمعیت‌های مجزا درصد واریانس مولکولی درون جمعیتی ۲۱/۳٪ و بین جمعیتی ۷۸/۷٪ 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 (۲۵٪) در مقایسه با واریانس درون جمعیتی شده است (۷۵٪). اگرچه جمعیت‌های مورد بررسی تماما متعلق به حوزه آبریز

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]
[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

دجله محسوب می‌گردند، 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، گاوشان 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 اثراتی بر ویژگی‌های ژنتیکی این جمعیت نیز گردد. بررسی مقادیر جریان ژنی 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 خواهری 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 نشان‌دهنده عدم تفکیک کامل جمعیت روآر از سایر مناطق مورد مطالعه باشد.

نتایج این مطالعه نشان‌داد که میزان تغییرپذیری ژنتیکی جمعیت‌های سیاه ماهی خالدار در استان کردستان متوسط می‌باشد. همچنین اگرچه جمعیت سیاه ماهی خالدار منطقه مریوان تفاوت‌هایی 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 نشان‌داد که نشانگر IRAP نه‌تنها یک نشانگر تکرارپذیر است، بلکه قدرت بالاتری در تعیین میزان 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 نویسندگان مقاله حاضر بوده است و کلیه هزینه‌های آن توسط دانشگاه کردستان تامین شده است. لذا بدینوسیله مراتب تشکر و قدردانی خود را از دانشگاه کردستان بابت تامین 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

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

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-Ghorttapeh, A., 2018. IRAP and REMAP based genetic diversity among varieties of Lallemantia 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 10th 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:

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

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., Gaffaroğlu, 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. GenAlEx 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

Pourkhaloee, 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.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

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/mbrc.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 setequedas*) 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., Woodwark, 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.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]

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

Mehrabani, Z.[1], Bahrami Kamangar, B.[1, 2*], Ghaderi, E.[1]

[*]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. Phylogentic 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

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1399.29.6.9.7]