

بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت شاه میگوی آب شیرین (*Astacus leptodactylus*) مناطق مختلف با استفاده از ردیفیابی منطقه کنترل DNA میتوکندریایی

مجیدرضا خوش خلق^{۱*} ، سجاد نظری^۲

^{*} mkhoshkholgh2012@gmail.com

- ۱- دانشکده منابع طبیعی دانشگاه گیلان، ایران، صندوق پستی ۱۱۴۴
- ۲- مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان سردآبی شهید مطهری، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات و آموزش کشاورزی، یاسوج، ایران

تاریخ پذیرش: فروردین ۱۳۹۵

تاریخ دریافت: مهر ۱۳۹۴

چکیده

در مطالعه حاضر ساختار ژنتیک جمعیت شاه میگوی آب شیرین (*Astacus leptodactylus*)، با استفاده از ناحیه کنترلی میتوکندریایی (D) و روش توالی‌یابی DNA مورد بررسی قرار گرفت. به همین منظور تعداد ۱۳۲ نمونه شاه میگو از مناطق مختلف دریای خزر و دریاچه سد ارس در سال ۱۳۹۰ جمع آوری گردید. سپس کمیت DNA نمونه‌ها به روش اسپکتروفتومتری و کیفیت آن از طریق الکتروفورز ژل آگارز و رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید تعیین شد. در مجموع در نمونه‌های مناطق مختلف، ۳۸ هاپلوتیپ شناسایی و تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی به ترتیب برابر با 0.049 ± 0.038 و 0.811 ± 0.0038 و 0.0127 اندازه گیری شد. مقدار D در آزمون بی طرفی تاجیما $3/120$ و میانگین آزمون مربع کای $= 78/25 = \chi^2$ نیز بدست آمد. مقدار D بدست آمده در بین نمونه‌ها ممکن است نشان دهنده متعادل بودن فشار انتخاب باشد. از طرف دیگر، نتایج منفی آزمون گسترش و پراکنش تاریخی جمعیت‌ها (Fu's *Fs*) و همچنین شاخص هارپندینگ تایید کننده گسترش جمعیت‌ها بود. با توجه به نتایج آزمون‌های تمایز F_{ST} ، آزمون دقیق و آنالیز واریانس مولکولی مناطق آستارا در دریای خزر، رودخانه سیاه درویشان و جفرود اختلاف معنی‌داری را با سایر مناطق نشان دادند ($P < 0.001$). همچنین مشخص گردید که در مناطق نمونه برداری، گروه‌های متمایزی از شاه میگوی آب شیرین وجود دارد، بطوری که نمونه‌های رودخانه سیاه درویشان و جفرود و ناحیه آستارا گروه‌های متمایز ژنتیکی از این گونه را نشان می‌دهند. بطور کلی یافته‌های این تحقیق می‌تواند نقش موثری برای شناسایی ذخایر و بهبود ژنتیکی شاه میگوی آب شیرین ایفاء نماید.

کلمات کلیدی: شاه میگوی آب شیرین، *Astacus leptodactylus*, DNA میتوکندریایی، دریای خزر، دریاچه سد ارس

*نویسنده مسئول

مقدمه

به عنوان مثال، مطالعات اولیه بر اساس الکتروفورز پروتئین صورت گرفت که تنها سطوح پایینی را در بین جمعیت‌های شاه میگوی آب شیرین اروپایی نشان دادند. در سال‌های گذشته با پیشرفت فن آوری و توسعه روش‌های مولکولی، روش‌های مختلف نظری DNA میتوکندری Schulz, 1999, (RAPD, Grandjean *et al.*, 2000) (Fetzner and AFLP, 2004; Gouin *et al.*, 2001 (Gouin *et al.*, 2002; Crandall, 1999) Gross *et al.*, 2013) در مطالعات جمعیت‌های شاه میگوی آب شیرین به کار گرفته شده‌اند. در ایران نیز مطالعات ژنتیکی برخی از گونه‌های سخت پوستان تاکنون صورت پذیرفته است (بابایی، ۱۳۸۱؛ رضوانی گیل کلایی و همکاران ۱۳۸۰، ۱۳۸۴؛ نهانوندی و همکاران، ۱۳۸۴؛ شکوهمند و همکاران، ۱۳۹۰).

برای توصیف مناسب ساختار جمعیت باستی از روش‌های متعدد و نشانگرها و ژن‌های مختلف بهره گرفته شود. بر همین اساس، هدف از انجام این تحقیق شناسایی و تمایز ژنتیکی جمعیت‌های احتمالی مناطق مورد مطالعه با استفاده از روش ردیفیابی DNA میتوکندریایی و تعیین میزان تنوع ژنتیکی و معرفی نشانگر مولکولی جهت تمایز آنها می‌باشد.

مواد و روش‌ها**جمع آوری نمونه‌ها**

به منظور تهیه نمونه‌ها صید مولдин شاه میگوی آب شیرین، در نقاط مختلف جغرافیایی شامل تالاب انزلی و ۴ رودخانه منتهی به دریای خزر و غرب و بخش مرکزی جنوب دریای خزر و همچنین دریاچه سد ارس در سال ۱۳۹۰ با استفاده از تله انجام گرفت (جدول ۱، شکل ۱). برای جلوگیری از آسیب به نمونه‌ها، مقدار کمی بافت از ناحیه پای اول بند اول شاه میگو توسط انبرک جدا شد و سپس در الکل اتانول ۹۶ درصد نگهداری گردید. نمونه‌ها برای انجام آزمایشات مولکولی به آرمایشگاه ژنتیک دانشگاه گیلان منتقل شدند.

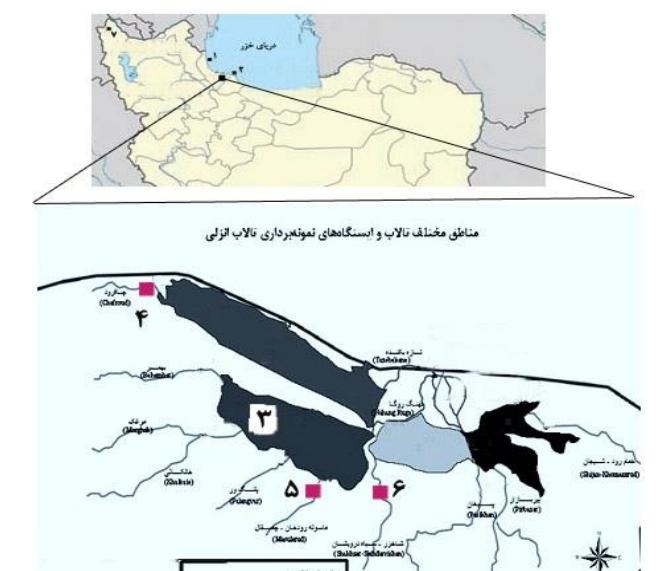
بر اساس مطالعات انجام شده، سه خانواده شاه میگوی آب شیرین در دنیا وجود دارد که در بین آنها خانواده Astacidae بومی منطقه آسیای غربی است و در ایران نیز گونه شاه میگوی آب شیرین *Astacus leptodactylus* (Stucki, 1999; Chiesa et al., 2011) جانوران آبری مصرف آنها نیز افزایش پیدا نموده است که در این میان شاه میگوی آب شیرین جایگاه پیزه ای دارد و با داشتن خصوصیاتی از جمله رژیم غذایی ارزان، ارزش اقتصادی بالا و بازارپسندی مناسب در دنیا از اهمیت اقتصادی و تجاری خاصی برخوردار است (Karimpour et al., 2011; Harlıoğlu, 2008).

امروزه تنوع ژنتیکی بعنوان یکی از شاخص‌های وضعیت اکولوژیک اکوسیستم‌های آبی بکار می‌رود. یکی از راههای بررسی ساختار ژنتیکی آبزیان مطالعات ژنتیک جمعیت‌ها بوده و شناسایی تحولات درون گونه‌ای و ساختار جمعیت با استفاده از نشانگرها مولکولی DNA هسته ای و میتوکندری از نیازهای اساسی در اعمال مدیریت صحیح بهره‌برداری می‌باشد (Pourkazemi et al., 2012). بررسی‌های DNA میتوکندریایی (mtDNA) کاربردهای متعددی را در زیست شناسی آبزیان از جمله تعیین تغییرات بین افراد، بررسی تغییرات درون گونه‌ای و دیگر سطوح طبقه بندی مانند جنس ها داشته (Billington and Hebert, 1995; Liua and Cordes, 2004; Brown, 2008). بطوری که در مطالعات ژنتیک جمعیت سخت پوستان، ژن‌های نظری 16S rRNA و ناحیه کنترل DNA میتوکندریایی بسیار مورد استفاده قرار گرفته اند (Tong et al., 2000; Schubart et al., 2000; Haye et al., 2002

محققین از سال ۱۹۸۰ تلاش نموده اند تا با استفاده از روش‌های مختلف ساختار ژنتیکی گونه‌های مختلف سخت پوستان از جمله شاه میگوی آب شیرین را بررسی نمایند.

جدول ۱: مناطق نمونه برداری و تعداد نمونه ها در روش توالی یابی

نقشه	شماره ایستگاه در	نام ایستگاه	طول و عرض جغرافیایی	تعداد
۱	دریای خزر- آستارا		۴۹ درجه و ۵۵ دقیقه طول شرقی و ۳۸ درجه و ۸ دقیقه عرض شمالی	۲۰
۲	دریای خزر- کیاشهر		۴۹ درجه و ۴۲ دقیقه طول شرقی و ۳۷ درجه و ۳۳ دقیقه عرض شمالی	۲۰
۳	تالاب انزلی		۴۹ درجه و ۲۰ دقیقه طول شرقی و ۳۷ درجه و ۲۶ دقیقه عرض شمالی	۲۰
۴	رودخانه جفرود		۴۹ درجه و ۱۲ دقیقه طول شرقی و ۳۷ درجه و ۲۹ دقیقه عرض شمالی	۲۰
۵	رودخانه ماسوله رودخان		۴۹ درجه و ۱۸ دقیقه طول شرقی و ۳۷ درجه و ۱۰ دقیقه عرض شمالی	۱۴
۶	رودخانه سیاه درویشان		۴۹ درجه و ۱۷ دقیقه طول شرقی و ۳۷ درجه و ۱۷ دقیقه عرض شمالی	۱۸
۷	دریاچه سد ارس		۴۵ درجه و ۲ دقیقه طول شرقی و ۳۸ درجه و ۲۸ دقیقه عرض شمالی	۲۰
مجموع				۱۳۲



گردیدند. به این ترتیب که در ابتدا DNA به طور مستقیم در تکه‌های ذوب شده طبق روش استاندارد (Kretz and Brein, 1993) با ^{35}S o'cyclist Taq DNA به همراه پرایمر ۱ استفاده از کیت ABI در دمای الحاق ۵۱ درجه سانتی‌گراد با دستگاه Prism Model 377 (Applied Biosystems, USA) انجام پذیرفت. در ادامه کار توالی‌های DNA در ژل و اسراشت شده پلی‌اکریل آمید ۶ درصد و اوره ۷ مولار حل شدند. در نهایت نیز نمونه‌ها پس از تثبیت ژل‌ها و خشک شدن بر روی سینی شیشه‌ای، در معرض فیلم اشعه X به مدت چند روز قرار گرفتند.

تجزیه و تحلیل آماری

در این بررسی از نرم افزارهای متعددی برای آنالیز داده‌ها استفاده گردید. به این ترتیب که هاپلوتیپ‌های مربوط به قطعه حلقه D DNA D میتوکندریایی با استفاده از نرم افزارهای آماری مشخص گردیدند. تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی مخصوص جمعیت‌ها با استفاده از شاخص Nei و Tajima (1981) اندازه‌گیری شدند. فواصل ژنتیکی بین هاپلوتیپ‌ها بر اساس روش دوپارامتری (PHYLIP 3.695; Felsenstein, 2013) Kimura (Fu, Fu's Fs 1997) و Tajima (1989) از بسته نرم افزار آماری گردید. برای انجام آزمون‌های (Librado and Rozas, 2009) و آزمون دقیق جهت تمایز جمعیت‌ها (Harpending, 1994) (Raymond and Rousset 1995) نیز بوسیله بسته نرم افزار آماری Arlequin 3.0 بدست آمد (Excoffier et al., 2005).

آزمایشات مولکولی

در این بررسی برای استخراج کل DNA ژنومی از روش فنل-کلروفرم-ایزوآمیل الکل استفاده گردید (Hillis and Moritz, 1990). در ادامه جهت بررسی کیفیت DNA استخراج شده از روش الکتروفورز افقی (Pourkazemi et al., 2012) بر روی ژل آگارز 0.8% درصد و میزان فلورسانس ترکیب اتیدیوم برومید^۱ جذب شده بوسیله DNA استفاده شد. همچنین تعیین کمیت DNA نمونه‌ها به کمک دستگاه اسپکتروفوتومتری (نانودراب ۱۰۰۰) اندازه گیری و ثبت گردید.

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم ۲۰ میکرولیتر شامل: $10\text{ }\mu\text{l}$ میلی مولار، پرایمر، یک میکرولیتر (۱۰ پیکومول)، $100\text{ }\mu\text{l}$ DNA، $100\text{ }\mu\text{l}$ PCR بافر، $2/5$ میکرولیتر با غلظت $\times 10$ ؛ کلرید منیزیم $50\text{ }\mu\text{l}$ میلی مولار و آب مقطر انجام گرفت. شرایط چرخه دمایی و مشخصات داده شده به دستگاه ترموسایکلر (Eppendorf, Germany) برای واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به ترتیب: مرحله جداسازی 94°C درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، مرحله اتصال پرایمرها به هدف از 51°C درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، مرحله بسط پرایمر 72°C درجه سانتی‌گراد، ۱۰ دقیقه برای 25°C چرخه بهینه سازی گردید (جدول ۲). پرایمرهای اختصاصی از توالی قطعه حلقه D² شاه میگوی آب میتوکندریایی از توالی $5'-\text{AAGAACCCAG CTAGAATAAAATCTT}-3'$ شیرین در بانک ژن NCBI بدست آمده و سپس به کمک نرم افزار Gunrunner 5.0.47 طراحی گردید. توالی پرایمرهای طراحی شده قطعه حلقه D شامل پرایمر $5'-\text{GATCCA}-2'$ و پرایمر $3'-\text{AGAACATCCTTACGACA}-$

بعد از انجام مراحل PCR، محصولات بدست آمده در ژل آگارز 0.8% درصد با نقطه جوش پایین خالص‌سازی و به نماینده شرکت ABI در آلمان برای تعیین توالی ارسال

¹ Ethidium bromide

² Displacement-loop

از نوع انتقالی بودند و هیچ گونه حذف یا الحاق^۶ مشاهده نشد. در بین نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین مناطق مختلف نمونه برداری در مجموع ۳۸ ترکیب هاپلوتیپ مشاهده گردید (جدول ۴). در هاپلوتیپ‌های مختلف چندین جایگاه نوکلئوتیدی مشخص گردید و بیشتر تغییرات مشاهده شده شامل جهش‌های انتقالی^۷ ($T \leftrightarrow C$) بودند. همچنین میانگین نسبت نوکلئوتیدی در طول توالی‌ها تقریباً ۴۲٪ \approx ۵۸٪ ($G+C$) : ($A+T$) بود و نشان دهنده غالب بودن نسبت بازهای آدنین (A) و تیمین (T) می‌باشد که به صورت نوکلئوتیدهای تکراری در طول توالی‌های مشخص شدند. حداکثر احتمال ترکیبی الگوی نوکلئوتیدی بازهای شاه میگوی آب شیرین در مناطق مختلف نمونه برداری در جدول ۲ آورده شده است و مطابق با جدول میزان احتمال جانشینی نوکلئوتیدی هر باز بر اساس روش Tamura و همکاران (۲۰۱۳) محاسبه گردید. در این بررسی همچنین میانگین فراوانی نوکلئوتیدی بازهای A، C، T و G به ترتیب ۰/۳۰۵، ۰/۳۰۶، ۰/۲۹۱ و ۰/۲۹۸ بودند.

آزمون بی طرفی Tajima برای توالی منطقه کنترل mtDNA شاه میگوی آب شیرین طبق روش Tajima (۱۹۸۹) میزان D را ۲/۳۶۵ را نشان داد ($P < 0/05$) (جدول ۳).

با مقایسه هاپلوتیپ‌های نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین، مشخص شد یک هاپلوتیپ (هاپلوتیپ A) در بین آنها بصورت مشترک بود. بیشترین تعداد این هاپلوتیپ (۱۰ عدد) در نمونه‌های منطقه دریای خزر-آستارا و رودخانه سیاه درویشان مشاهده گردید که به ترتیب دارای ۵ و ۴ هاپلوتیپ نادر بودند. رودخانه جفروود و ماسوله به ترتیب دارای ۷ و ۸ هاپلوتیپ که از این تعداد به ترتیب ۴ و ۳ هاپلوتیپ نادر بودند. تعداد ۲ هاپلوتیپ مشترک J و J1 نیز، در بین نمونه‌های مناطق جنوبی دریای خزر مشخص گردید.

⁶ Insertion/Deletion

⁷ Transitions

۱۲۳

جدول ۲: برآورد حداکثر احتمال ترکیب الگوی جانشینی نوکلئوتیدی منطقه کنترل mtDNA شاه میگوی آب شیرین

G	C	T	A	نوکلئوتید
۱۶/۱۵	۲/۹۸	۶/۱۲	-	A
۳/۶۵	۱۴/۵۶	-	۴/۳۲	T
۲/۸۶	-	۱۲/۰۱	۶/۱۷	C
-	۲/۹۸	۶/۲	۱۸/۰۹	G

میزان احتمال جانشینی انتقالی^۱ با خانه‌های رنگی مشخص شده است و بقیه اعداد شامل احتمال جانشینی Transition: تغییر یک باز پورین به جای یک باز پورین دیگر و یا یک باز پیریمیدین به جای یک باز پیریمیدین دیگر و Transversion: جانشینی یک باز پورین^۲ به جای یک باز پیریمیدین^۳ می‌باشد.

همچنین نرخ کل (R) transition/transversion با استفاده از روش Tamura و همکاران (۲۰۱۳) با استفاده از فرمول زیر و به کمک نرم افزار MEGA 6 بدست آمد:

$$R = [A^*G*k_1 + T^*C*k_2]/[(A+G)^*(T+C)]$$

در فرمول k_1 : میزان احتمال جانشینی باز پورین و k_2 : میزان احتمال جانشینی باز پیریمیدین می‌باشد. برنامه آماری 6 MEGA ، برای ایجاد ماتریس فاصله انشعاب توالی بین هاپلوتیپ‌ها به کار گرفته شد. الگوی ساختار جغرافیایی با استفاده از واریانس مولکولی (AMOVA) برآورد گردید. فرضیه اصلی ساختار جمعیت نیز بوسیله آزمون مرربع کای^۴ و با ۱۰۰۰ بار تکرار مورد آنالیز قرار گرفت.

نتایج

جهت بررسی‌های آماری، توالی‌های قطعه منطقه کنترل mtDNA شاه میگوی آب شیرین با استفاده از نرم افزار Clustal W 2 همتراز^۵ شدند و در مجموع ۶۸ جایگاه متغیر در همه توالی‌ها مشاهده گردید. همه جانشینی بازها

¹ Transitional substitutions

² Purine

³ Pyrimidine

⁴ Chi-square analyses

⁵ Align

جدول ۳: آزمون بی طرفی Tajima برای توالی منطقه کنترل mtDNA

D	π	Θ	p_s	S	M
۳/۱۲۰	۰/۲۱۵	۰/۲۸۶	۰/۶۷۵	۲۱۴	۶۸

M: تعداد جایگاهها، S: تعداد جایگاههای متفرق، π : p_s/a , Θ : S/m

جدول ۴: توزیع هاپلوتیپ‌های منطقه کنترل mtDNA شاه میگوی آب شیرین در مناطق مختلف

شماره	نام هاپلوتیپ	مناطق	درجه ازدحام	سیله‌های دوپوشان	ردیفه ماسه‌لر	ردیفه دخان	ردیفه پیغور	تالاب‌های اندی	خوزستان	خوزستان‌کیشند	خوزستان-آذربایجان
۱	A	۵	۲	۳	۲			۸	۱۰	۳	۳
۲	A1	۱	۰	۰	۰			۴	۳	۱	
۳	A2	۲						۱			
۴	A3							۱	۲		
۵	A4	۱							۱		
۶	A5	۱							۱	۱	
۷	B	۱	۹	۱				۲	۱		
۸	B1		۱	۱				۱			
۹	B2	۱									
۱۰	B3	۱									
۱۱	C	۱		۴				۱			
۱۲	C1			۱							
۱۳	C2			۱				۱			
۱۴	D	۱				۱۱		۱			
۱۵	D1					۲			۱		
۱۶	D2					۱					
۱۷	D3			۱							
۱۸	D4			۱							
۱۹	E					۱					
۲۰	F									۱	
۲۱	G										
۲۲	G1										
۲۳	G2										
۲۴	G3										
۲۵	H										
۲۶	H1	۱									
۲۷	H2	۱									
۲۸	I	۷									
۲۹	J							۱	۹		
۳۰	J1							۱	۱		
۳۱	K									۱	
۳۲	K1									۱	
۳۳	K2									۱	
۳۴	L			۱							
۳۵	L1			۱							
۳۶	M									۱	
۳۷	P						۲				
۳۸	P1						۱				

^۱ Segregating sites

جمعیت‌های متمایز می‌باشد. بیشترین اختلاف فراوانی هاپلوتیپی نمونه‌های منطقه آستارا در ناحیه جنوبی دریای خزر با دریاچه ارس ($\chi^2 = 156/43, p < 0.0001$) و بعد از آن در نمونه‌های رودخانه سیاه درویshan با نمونه‌های دریاچه ارس بود که از نظر آماری اختلاف معنی‌داری داشت ($\chi^2 = 154/52, p < 0.0001$). کمترین اختلاف فراوانی هاپلوتیپی نیز بین نمونه‌های مناطق تالاب انزلی و دریاچه ارس ($\chi^2 = 13/1, p < 0.1859$) و بعد از آن بین نمونه‌های مناطق تالاب انزلی، کیاشهر ($\chi^2 = 0.1766, p < 0.86$) مشاهده گردید (جدول ۶).

نتایج آزمون AMOVA در جدول ۷، نشان می‌دهد که اختلاف معنی‌داری ($p < 0.001$) در نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین در بیشتر مناطق نمونه‌برداری وجود دارد. همچنین نتایج ان بررسی نشان داد که در برخی از مناطق تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای وجود دارد و به این ترتیب شاه میگوی آب شیرین از وجود چند جمعیت مختلف برخوردار است بطوری که مقدار $21/25\%$ واریانس بین نمونه‌های مناطق ($p < 0.001$)، $7/90\%$ واریانس بین نمونه‌ها و درون جمعیت‌ها ($p = 0.0285$) و $19/68\%$ در بین جمعیت‌ها بدست آمد ($p < 0.001$) که خود نشان دهنده این مسئله است که بیشتر تنوع ژنتیکی شاه میگوی آب شیرین در بین مناطق است (جدول ۷).

نتایج بررسی شاخص تمایز (F_{ST}) بر اساس روش دوبارمتری Kimura (Felsenstein, 2013) نشان داد که بین نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین از ۷ منطقه مختلف تنوع ژنتیکی قابل قبول وجود دارد چنانچه در بین نمونه‌های برخی از مناطق، اختلاف معنی‌داری از نظر آماری مشاهده گردید ($F_{ST} = 0.2416, P < 0.001$) و در بعضی از موارد نیز اختلاف معنی‌داری مشاهده نگردید (جدول ۸).

تعداد ۹ هاپلوتیپ در نمونه‌های تالاب انزلی و دریاچه سد ارس مشاهده شدند. هاپلوتیپ B در بین نمونه‌های رودخانه سیاه درویshan، هاپلوتیپ D در بین نمونه‌های رودخانه جفرود و هاپلوتیپ J در بین نمونه‌های منطقه آستارا، بیشترین تعداد را داشتند. همچنین هاپلوتیپ A3 بین نمونه‌های تالاب انزلی و منطقه خزر-کیاشهر مشترک بود. در جدول ۵ هاپلوتیپ‌های نمونه‌های مناطق بصورت کامل، نتایج تنوع هاپلوتیپی (h) و تنوع نوکلئوتیدی (π) منطقه کنترل DNA میتوکندری شاه میگوی آب شیرین به همراه نتایج آزمون‌های D و Fs آورده شده است. با توجه به جدول ۵ مشخص گردد که میانگین تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی در کل نمونه‌ها به ترتیب برابر با 0.049 ± 0.027 و 0.038 ± 0.011 بود. همچنین بیشترین تنوع هاپلوتیپی مربوط به منطقه آستارا و مقدار 0.036 ± 0.096 بدست آمد. بیشترین تنوع نوکلئوتیدی نیز مربوط به همین ناحیه بود که مقدار 0.021 ± 0.018 داشت. دامنه تنوع هاپلوتیپی در کل مناطق بین 0.01 ± 0.038 و 0.027 ± 0.096 در تالاب انزلی تا 0.036 ± 0.021 در منطقه آستارا متغیر بود (جدول ۶). نتایج آزمون Fs بجز رودخانه ماسوله معنی‌دار بودند ولی آزمون‌های D معنی‌دار نبودند. همچنین بین هاپلوتیپ‌های نادر با پراکنش تاریخی جمعیت‌ها ارتباطی مشاهده نشد.

در بررسی حاضر آنالیز داده‌ها مقدار سطح معنی‌داری مربع کای و اختلاف فراوانی هاپلوتیپ‌های ناحیه کنترل mtDNA وجود گروه‌های مختلفی از شاه میگوی آب شیرین را در مناطق نمونه‌برداری تایید می‌کند. علاوه بر این، نتایج نشان دادند که فراوانی هاپلوتیپی نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین منطقه آستارا، رودخانه سیاه درویshan، جفرود، با سایر نمونه‌های شاه میگو از مناطق کیاشهر، ارس، تالاب انزلی و رودخانه ماسوله رودخان از نظر آماری اختلاف معنی‌داری دارد ($p < 0.0001$) و آنالیز مربع کای با روش Mont-Carlo ضمن تائید این مسئله نشان داد که جمعیت این مناطق اختلاف فراوانی هاپلوتیپی زیادی با دیگر نمونه‌ها دارد که بیانگر وجود

جدول ۵: تنوع هاپلوتیپی ($h \pm S.D.$) و تنوع نوکلئوتیدی ($\pi \pm S.D.$) آزمون های D تاجیما و Fu's FS و شاخص هارپیدینگ

مناطق	تعداد هاپلوتیپ	$\pi \pm S.D.$	$h \pm S.D.$	آزمون	شاخص	D		Fu's FS		(r)
						تاجیما	هارپیدینگ	Fu's	FS	
دریای خزر- آسترا	۱۰	0.198 ± 0.021	-0.896 ± 0.036	-۴/۵۷۹*	-۰/۰۴۲۸۱	-۰/۰۷۲۱۱	-۰/۰۴۲۸۴	-۱/۶۸۰*	-۰/۰۷۲۱۱	
دریای خزر- کیاشهر	۸	0.092 ± 0.034	-0.749 ± 0.052	-۰/۰۷۴۹*	-۰/۰۱۴۶۴	-۰/۰۵۴۰۸	-۰/۰۱۴۶۴	-۱/۶۸۰*	-۰/۰۷۴۹*	
تالاب انزلی	۹	0.099 ± 0.089	-0.738 ± 0.01	-۰/۰۷۳۸*	-۰/۰۱۰۳۷	-۰/۰۸۶۳۴	-۰/۰۱۰۳۷	-۰/۷۴۳	-۰/۰۷۳۸*	
رودخانه چفروند	۷	0.0154 ± 0.005	-0.836 ± 0.092	-۰/۰۸۳۶*	-۰/۰۰۸۸	-۰/۰۶۲۱۱	-۰/۰۰۸۸	-۵/۶۳۷*	-۰/۰۶۲۱۱	
رودخانه ماسوله رودخان	۸	0.0127 ± 0.002	-0.822 ± 0.06	-۰/۰۸۲۲*	-۰/۰۱۹۸	-۰/۱۴۶۸	-۰/۰۱۹۸	-۳/۴۰۵*	-۰/۱۴۶۸	
رودخانه سیاه درویشان	۹	0.0122 ± 0.0078	-0.865 ± 0.068	-۰/۰۸۶۵*	-۰/۰۰۷۳۲*	-۰/۹۸۷۷	-۰/۰۰۷۳۲*	-۳/۹۸۹*	-۰/۹۸۷۷	
دریاچه سد ارس	۹	0.0102 ± 0.001	-0.773 ± 0.08	-۰/۰۷۷۳*	-۰/۰۱۹۷۷	-۰/۰۵۳۰۳	-۰/۰۱۹۷۷	-۰/۰۵۰۱*	-۰/۰۵۳۰۳	
جمع	۳۸	0.0127 ± 0.0038	-0.811 ± 0.049							

* در آزمون های D تاجیما و Fu's FS و شاخص هارپیدینگ معنی دار بودن با علامت ستاره نشان داده شده است.

جدول ۶: مقایسه آماری مربع کای در بین شاه میگوی آب شیرین مکان های مختلف نمونه برداری

مناطق	آسترا	سنج	تالاب	انزلی	دریای خزر- کیا شهر	دریاچه ارس	
						(۰/۰۰۰۰)	(۰/۰۰۰۰)
-	-	-	۱۹/۸۶	۱۱۳/۷	تالاب انزلی		
-	-	-	(۰/۱۷۶۶)	(۰/۰۰۰۰)			
۲۵/۶۴	۴۳/۶	۹۸/۴۷	۲۵/۶۴	۴۳/۶	رودخانه چفروند		
(۰/۰۵۴۲)	(۰/۰۵۷۶)	(۰/۰۰۰۰)					
۱۳۱/۰۲	۲۱/۰۸	۳۸/۲۲	۱۳۱/۰۲	۲۱/۰۸	رودخانه ماسوله رودخان		
(۰/۰۰۰۰)	(۰/۰۴۵۰)	(۰/۰۰۰۸۴)					
۹۴/۲	۹۶/۲۷	۸۹/۶۲	۸۷/۶۹	۱۳۸/۲	رودخانه سیاه درویشان		
(۰/۰۰۰۰)	(۰/۰۰۰۰)	(۰/۰۰۰۰)	(۰/۰۰۰۰)	(۰/۰۰۰۰)			
۱۵۴/۵۲	۲۹/۵۳	۸۷/۴۷	۱۳/۱	۱۵/۳۳	دریاچه ارس		
(۰/۰۰۰۰)	(۰/۰۰۰۲۶)	(۰/۰۰۰۰)	(۰/۱۸۵۹)	(۰/۰۵۴۹)			

* درون پرانتز سطح معنی داری نشان داده شده است.

جدول ۷: نتایج آزمون AMOVA بین نمونه های شاه میگوی آب شیرین

P	F_{ST}	درصد تغییرات	درجه آزادی	منبع تغییرات
<0.001	0.1784	۱۹/۶۸	۶	بین جمیعت ها
0.0285	0.07563	۹/۰۷	۶	بین نمونه ها، درون جمیعت ها
<0.01	0.2416	۷۱/۲۵	۱۳۱	در نمونه ها

جدول ۸: مقدار مقایسه شاخص F_{ST} و آزمون دقیق* در بین نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین در مناطق مختلف

منطقه	آستانرا	کیاشهر	تالاب	رودخانه جفرو	رودخانه ماسوله	سیاه درویشان	دریاچه ارومیه
دریای خزر-کیاشهر	-	-	-	+	-	+	-
تالاب انزلی	-	-	-	-	-	-	+
رودخانه جفرو	+	+	+	-	-	-	-
رودخانه ماسوله رودخان	+-	-+	-	-	-	-	-
رودخانه سیاه درویشان	-+	-	-	-	-	-	-
دریاچه ارس	-	-	-	-	-	-	-

* علامت‌های - = معنی دار نبودن در آزمون F_{ST} و آزمون دقیق . + = معنی دار بودن آزمون دقیق، -+ = معنی دار بودن F_{ST} و معنی دار نبودن آزمون دقیق و + = معنی دار بودن در آزمون F_{ST} و آزمون دقیق را نشان می‌دهد.

میتوکندری شاه میگوی آب شیرین بر اساس نتایج آزمون AMOVA و همچنین شاخص تمایز F_{ST} و آزمون دقیق نشان داد که می‌توان سه جمعیت مختلف را در نظر گرفت که شامل جمعیت‌های منطقه آستانرا، رودخانه جفرو و رودخانه سیاه درویشان می‌باشدند.

بحث و نتیجه گیری

کاهش ذخایر آبیزیان در اکثر نقاط جهان موجب شده تا محققین جهت مدیریت ذخایر به مطالعه و تعیین ساختار ژنتیکی گونه‌های با ارزش روی آورند و بخوبی اثبات شده که ژنتیک جمعیت آبیزیان و مدیریت شیلات رابطه بسیار نزدیکی با یکدیگر دارند. از طرفی یکی از عمده‌ترین مسائل در ژنتیک جمعیت، شناخت تفاوت‌ها بین جمعیتهای مناطق در محدوده گرافیایی پراکنش آنها است که می‌تواند در تضمیم گیری‌های مدیریت شیلاتی از جمله بهره‌برداری پایدار و حفاظت از تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرند. لذا با توجه به اهمیت موضوع این مطالعه به بررسی تنوع ژنتیکی گونه مهم شاه میگوی آب شیرین در مناطق مختلف کشور پرداخت.

نتایج این تحقیق نشان داد که منطقه کنترل DNA میتوکندری از تنوع بالایی برخوردار بوده و وجود سه

همچنین نتایج شاخص تمایز F_{ST} و آزمون دقیق نشان دادند که در منطقه آستانرا از سواحل جنوبی دریای خزر، رودخانه سیاه درویشان و جفرو با دیگر نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین از مناطق کیاشهر، ارس، تالاب انزلی و رودخانه ماسوله رودخان از نظر آماری اختلاف معنی‌داری دارد ($p < 0.001$). نتایج آزمون AMOVA نیز نشان داد که بین نمونه‌های منطقه آستانرا، رودخانه سیاه درویشان و جفرو اخلاق معنی‌داری وجود دارد ($p < 0.001$). بعد از انجام ضریب تصحیح Bonferroni ($p = 0.002$) نیز بعضی از اختلافات موجود بین مناطق معنی‌دار نبودند ولی اختلاف بین نمونه‌های منطقه آستانرا، رودخانه سیاه درویشان و جفرو معنی‌دار باقی ماند ($p < 0.05$). بین سایر مناطق قبل و بعد از آزمون Bonferroni هیچ‌گونه اختلافی مشاهده نگردید (جدول ۹).

با توجه به جدول مشخص می‌شود دامنه F_{ST} نمونه‌های شاه میگوی آب شیرین، از 0.015 بین تالاب انزلی و رودخانه ماسوله رودخان تا 0.267 بین نمونه‌های منطقه خزر-آستانرا و دریاچه ارس متغیر است. بیشترین اختلاف F_{ST} در تمام مناطق مختلف بین نمونه‌های منطقه آستانرا و دریاچه ارس با مقدار 0.267 بدست آمد (جدول ۹). در مجموع، یافته‌های بررسی توالی‌بایی ناحیه کنترل DNA

بیشتر بوده و نسبت به مطالعه Valles-Jimenez و همکاران (۲۰۰۶) که با بررسی جمعیت‌های میگوی سفید^۳ با استفاده از ۴ آنزیم ۴۸ هاپلوتیپ بدست آوردند، کمتر بود. در مطالعه حاضر میانگین تنوع هاپلوتیپی در شاه میگوی آب شیرین بالا بوده و نسبت به میگوی ببری^۴ که با روش PCR-RFLP و استفاده از ۵ آنزیم برشگر عدد ۰/۵۳۷ بدست آمده بود (Klinbunga *et al.*, 1998). میگوی ببری با استفاده از ۱۱ آنزیم و ژنهای COI-COII mtDNA، تنوع هاپلوتیپی مشابهی ۰/۸۶۴ و ۰/۸۵۵ (Klinbunga *et al.*, 1999) بدست آمد. نتایج این بررسی همچنین نشان داد که نمونه‌هایی که در رودخانه‌ها صید شده بودند، در مقایسه با نمونه‌های دریابی این گونه از تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای برخوردارند. مطالعات اولیه با استفاده از الکتروفوروز پروتئین نشان داد که گونه خرچنگ دراز آب شیرین در مقایسه با دیگر گونه‌های شاه میگو از هتروزیگوستی پایین‌تری برخوردار است (Crandall, 1997). با وجود این مطلب، تنوع داده‌های آلوزایمی در شاه میگوی آب شیرین^۵ توسط محققین Fevolden and Hessen در ۱۹۸۹؛ (Agerberg, 1990; Fevolden *et al.*, 1994) مختلفی گزارش شده است. به عنوان مثال، Agerberg در سال (۱۹۹۰) در چهار جمعیت مورد بررسی از شاه میگوی آب شیرین در سوئد و لهستان تنوعی ژنتیکی قابل مشخصی را مشاهده نکرد این در حالی است که Fevolden و Hessen در سال (۱۹۸۹) و Fevolden و همکاران (۱۹۹۴) اختلاف معنی‌داری را از نظر ژنتیکی در جمعیت‌های نروژ در این گونه گزارش و اذعان داشتند که احتمالاً جمعیت‌های نروژی از سوئد آورده شده‌اند و علت اختلاف ژنتیکی مورد بحث را اثر بنیان‌گذار^۶ و رانش ژنتیکی عنوان نمودند.

جمعیت شامل منطقه آستارا، رودخانه سیاه درویشان و گفروود اثبات می نماید. در تایید این مطلب می توان به نقش موثر حلقه D در مطالعات مختلف تأکید کرد. با توجه به یافته‌های محققین، حلقه D به عنوان قسمتی از ناحیه کنترل معرفی می شود که از منطقه آغاز همانند سازی رشته سنگین (OH) شروع و تا توالی پیوسته انتهایی (TAS) ادامه دارد. علاوه بر وظیفه این قسمت‌ها نواحی چپ و راست بوسیله جهش‌های طولی و جانشینی‌های بازی به سرعت تغییر می‌یابند (Clayton, 1991). اما به دلیل حذف و الحاق بالا توزیع جهش‌ها در منطقه کنترل می‌تواند در بین گونه‌ها تغییر یابد. امروزه مطالعات گسترده‌ای از توالی‌یابی منطقه کنترل در آبیان منتشر شده است (Baric *et al.*, 2005; Nazari *et al.*, 2013; Khoshkholgh *et al.*, 2011; Wang *et al.*, 2014) بنابر نظریات محققین، مطالعاتی که بر اساس توالی‌یابی منطقه کنترل صورت می‌پذیرد، ساختار فیلوزنیکی گونه‌های نزدیک بهم و همچنین ساختار ژنتیکی جمعیت‌های مختلف آبیان را معلوم می‌سازد (Avise, 1994) و در این مطالعه نیز این ناحیه از DNA میتوکندری تنوع قابل ملاحظه‌ای را نشان داد. در تحقیقات مختلف در برخی از گونه‌های سخت پوستان نظیر میگو وجود ساختار ژنتیکی جمعیت گزارش و دلایل متعددی از جمله فاکتورهای محیطی، مکانیسم‌های رفتاری برای توجیه این ساختار عنوان گردیده است (Aubert and Lightner 2000; Garcia Machado *et al.*, 2001)

تعداد هاپلوتیپ‌هایی که در این بررسی مشاهده شدند نشان از سطوح بالای چندشکلی در این قسمت از مولکول mtDNA دارد. همچنین در این بررسی با روش توالی یابی منطقه کنترل DNA میتوکندری تعداد ۳۸ هاپلوتیپ Chu مشخص گردید که در مقایسه با دیگر محققان نظیر و همکاران (۲۰۰۳) در بررسی میگوی موزی^۷ که با استفاده از ۴ آنزیم برشگر ۱۵ هاپلوتیپ بدست آوردند

³ *Litopenaeus vannamei*

⁴ *P. monodon*

⁵ *A. astacus*

⁶ Founder

¹ Termination association sequence

² *Fenneropenaeus merguiensis*

توالی یابی منطقه کنترل DNA میتوکندری وجود حداقل سه گروه ژنتیکی را مشخص نمود که سه جمعیت رودخانه سیاه درویشان و جفروف و ناحیه آستارا اختلاف زیادی از نظر ژنتیکی نشان دادند. علی‌رغم فاصله جغرافیایی نزدیک جمعیت‌های مختلف نظیر رودخانه سیاه درویشان و جفروف اختلاف معنی‌داری را از خود نشان دادند. این در حالی است که نمونه‌های ارس با فاصله زیاد از نمونه‌های دیگر مناطق، شباهت ژنتیکی داشت و از نظر آماری اختلاف معنی‌داری مشخص نگردید و این مسئله نیازمند مشخص نمودن منشاء ژنتیکی این منطقه در مطالعات آینده می‌باشد. با توجه به شاخص تمایز F_{ST} بیشتر جمعیت‌ها از نظر آماری اختلاف معنی‌داری را نشان دادند. این نتایج می‌تواند در برنامه‌ریزی مدیریت استراتژیک بازسازی ذخایر مورد استفاده قرار گیرد. علاوه بر این، تعداد دو جمعیت رودخانه ماسوله رودخان و ناحیه کیاشهر در دریای خزر اختلاف ژنتیکی کمی در مقایسه با دیگر جمعیت‌ها از خود نشان دادند. از جمله دلایل اختلاف بین نمونه‌های آستارا با دیگر مناطق می‌توان به این مسئله اشاره نمود که شرایط محیطی دریای خزر و همچنین ترجیح دادن مناطق کم عمق دریا و مصبها در دوره لاروی و جوانی می‌تواند ساختار ژنتیکی شاه میگوی آب شیرین را در بلندمدت با تغییر در فراوانی ژنی در کنار نوسانات اندازه جمعیت تحت تاثیر قرار دهد (Cristescu *et al.*, 2005).

یافته‌های این تحقیق نشان داد که نشانگرهای mtDNA ابزار مناسبی برای مطالعه تنوع ژنتیکی جمعیت‌های گونه شاه میگوی آب شیرین می‌باشند. اگرچه برخی جمعیت‌ها شباهت ژنتیکی از خود بروز دادند و نشان از اختلاط جمعیت‌ها داشت. جمعیت‌های منطقه آستارا در دریای خزر حاکی از جدا بودن این گروه از دیگر جمعیت‌ها بود. بدلیل اینکه جمعیت‌های طبیعی بیشتر در شمال کشور وجود دارد به طور قطعی نمی‌توان عنوان نمود اختلاف ژنتیکی موجود مربوط به چندشکلی اجدادی این گونه بوده یا تحت تاثیر معرفی این گونه به دریاچه ارس بوده است. در مطالعات آینده مقایسه تنوع ژنتیکی در مزارع

فاصله ژنتیکی بدست آمده در این بررسی با استفاده از توالی یابی اختلاف معنی‌داری را بین جمعیت‌های مورد بررسی نشان داد. همچنین داده‌های این بررسی با یافته‌های Schulz در سال (۲۰۰۰) همخوانی داشت و مشخص گردید جمعیت‌هایی که از نظر جغرافیایی به یکدیگر نزدیکتر هستند، شباهت ژنتیکی زیادتری دارند. با این توضیح که ممکن است سازگاری منطقه‌ای یا جدایی اجداد در این رابطه نقش موثری داشته باشد. در همین رابطه، Agerberg (۱۹۹۰) با استفاده از روش الوزایم تنوع ژنتیکی سه گونه شاه میگوی آب شیرین، شاه میگوی بازو باریک^۱ و میگوی راهنما^۲ را مورد بررسی قرار داد و از ۲۱ آنژیم مورد استفاده، تعداد ۱۵ آنژیم را برای مطالعه تنوع ژنتیکی وفیلوژنتیکی بین سه گونه مناسب دانستند. همچنین در مطالعه‌ای دیگر Alaranta و همکاران (۲۰۰۶) تنوع ژنتیکی شاه میگوی آب شیرین را در سه کشور سوئد، فنلاند و استونی با استفاده از توالی یابی ناحیه *ITS1* مورد بررسی و نشان دادند جمعیت‌های منطقه فنلاند بدلیل تبادل و ذخیره‌سازی مناطق مختلف با یکدیگر اختلافی نداشتند ولی دو جمعیت از ۵ جمعیت سوئد اختلاف داشتند و در نهایت ناحیه *ITS1* به عنوان یک نشانگر برای مطالعات این گونه و گونه‌های مشابه معروفی گردید. تحقیقات بیشتری از جمله اندازه جمعیت، کیفیت محیط زیست و تنوع ژنتیکی در سطح ژن‌های مختلف می‌تواند به ارزیابی محدودیت‌های محیط زیستی یا رانش ژنتیکی در کنار تفکیک ژنتیکی جمعیت‌های مختلف، برای مشخص نمودن ساختار جغرافیایی جمعیت‌های خرچنگ دراز آب شیرین کمک نماید.

شاخص تمایز F_{ST} ، آزمون دقیق و همچنین آزمون هتروژنی نشان داد که اختلاف فراوانی ژنی متفاوتی در جمعیت‌های مورد بررسی وجود دارد. در این بررسی ساختار جمعیتی معنی‌داری در بین همه نمونه‌ها در رودخانه‌ها و دریای خزر مشخص گردید. نتایج داده‌های

¹ *A. leptodactylus*

² *Pacifastacus leniusculus*

خلیج فارس (استان خوزستان) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای. مجله علمی شیلات ایران. ۵۴-۴۵، ۲۰، (۳).

نهادوندی، ره، رضوانی گیل کلابی، س.، وثوقی، غ و کاظمی، ب. ۱۳۸۴. بررسی تنوع ژن ۱۸s rRNA در جمعیت ماهی مرکب (*Sepia pharaonis*) دریای عمان و خلیج فارس با استفاده از روش PCR-RFLP. مجله علمی شیلات ایران. (۲)، ۱۶۸-۱۵۷.

Agerberg A., 1990. Genetic variation in three species of freshwater crayfish, *Astacus astacus L.*, *Astacus leptodactylus Aesch.* and *Pacifastacus leniusculus* (Dana), revealed by isozyme electrophoresis. *Hereditas*, 113, 101-108.

Alaranta, A., Henttonen, P., Jussila, J., Kokko, H., Prestegaard, T., Edsman, L., and Malmekyto, M., 2006. Genetic differences among noble crayfish (*Astacus astacus*) stocks in Finland, Sweden and Estonia based on the ITS1 region. *Bulletin Francais de la Peche et de la Pisciculture*, 965-975.

Aubert, H, and Lightner, DV., 2000. Identification of genetic populations of the Pacific blue shrimp *Penaeus stylirostris* of the Gulf of California, Mexico. *Marine Biology* 137:875-885.

Avise, J.C., 1994. Molecular Markers, Natural History, and Evolution. Chapman and Hall, New York, NY. 511 pp.

Baric, S., Hollrigl A., Fureder L. and Dalla Via J., 2005. Mitochondrial and microsatellite analyses of *Austropotamobius pallipes* populations in

پرورشی، دریاچه‌های ذخیره سازی شده از این گونه و با مقایسه با ذخایر طبیعی کشورهای همسایه نظری آذربایجان و ترکیه می‌تواند به مطالعه جامع ژنتیکی جمعیت‌های گونه شاه میگو کمک نماید. همچنین استفاده از نمونه‌های قدیمی و همچنین بکارگیری دیگر روش‌های مطالعات تنوع ژنتیکی نظری ریزماهواره‌ها^۱ و SNP^۲ مقایسه با مطالعه حاضر بررسی‌های تنوع ژنتیکی و تکاملی اختلاف ژنتیکی را تسهیل می‌سازد.

تشکر و قدردانی

همایت مالی این تحقیق با کد مصوب ۸۹۰۰۴۴۸۰ توسط صندوق حمایت از پژوهشگران کشور صورت پذیرفت و نویسنده‌گان بر خود لازم می‌دانند به جهت حمایت‌های اجرایی و مالی این تحقیق تشکر و قدردانی نمایند. همچنین از کلیه کسانی که در طول انجام این تحقیق بخصوص در جمع‌آوری نمونه‌ها کمک نمودند، قدردانی می‌شود.

منابع

- بابایی، م. ۱۳۸۱. بررسی مولکولی ۳ گونه میگوی دریای عمان و خلیج فارس با استفاده از mtDNA به روش RFLPs. پایان نامه دکترای دامپزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، ۷۵ صفحه.
 رضوانی گیل کلابی، س.، بابایی، س.ع. و پورکاظمی، م. ۱۳۸۰. بررسی مولکولی جمعیت میگوی ببری سبز (*Penaeus semisulcatus*) در دریای عمان و خلیج فارس با استفاده از ژن زیر واحد ۱ سیتوکروم اکسیداز (COI) به روش RFLP. مجله علمی شیلات ایران. (۲)، ۱۹-۱۵.

شکوهمند، م.، ذوالقرنین، ح.، لالویی، ف.، فروغمند، ع. و سواری الف. ۱۳۹۰. بررسی تنوع ژنتیکی میگوی سفید (*Metapenaeus affinis*) در سواحل

¹ Microsatellite

² Single Nucleotide Polymorphism

- South Tyrol (Italy) and Tyrol (Austria). Bulletin Francais dela Pe`che et de la Pisciculture, 376–377, 599–612.
- Billington, N and Strange, R. M., 1995.** Mitochondrial DNA Analysis Confirms the Existence of a Genetically Divergent Walleye Population in Northeastern Mississippi. Transactions of the American Fisheries Society 5, 770–776.
- Brown, K.H., 2008.** Fish mitochondrial genomics: sequence, inheritance and functional variation. Journal of Fish Biology 72, 355–374.
- Chu, K. H., Li, C. P., Tam, Y. K., and Lavery, S., 2003.** Application of mitochondrial control region in population genetic studies of the shrimp Penaeus. Molecular Ecology 3, 120–122.
- Chiesa, S., Scalici, M., Negrini, R., Gibertini, G. and Marzano, F.N., 2011.** Fine-scale genetic structure, phylogeny and systematic of threatened crayfish species complex. Molecular phylogenetics and evolution, 61 (1): 1–11
- Clayton, D.A., 1991.** Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA. Annual Review of Cell Biology. 7: 453-478.
- Crandall, K.A., 1997.** Genetic variation within and among crayfish species. Freshwater crayfish, 11, 135-145.
- Cristescu, MEA and Hebert, PDN., 2005.** The ‘Crustacean Seas’ an evolutionary perspective on the Ponto-Caspian peracarids. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 62, 505–517.
- Excoffier, L., Laval, G., and Schneider, S., 2005.** Arlequin Ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. Evolution Bioinformatics, 1: 47–50.
- Fetzner, J.W., Crandall, K.A., 1999.** Genetic variability within and among populations of the golden crayfish (*Orconectes luteus*): a comparison using amplified fragment length polymorphism (AFLPs) and mitochondrial 16s gene sequences. Freshwater Crayfish, 12, 396–412.
- Fevolden, S.E., and Hessen, D.O., 1989.** Morphological and genetic differences among recently founded populations of noble crayfish (*Astacus astacus*). Hereditas, 110, 149-158.
- Fevolden, S.E., Taugbøl, T., and Skurdal, J., 1994.** Allozymic variation among populations of noble crayfish, *Astacus astacus* L., in southern Norway: implications for management. Aquaculture and Fisheries Management, 25, 927-935.
- Felsenstein, J., 2013.** PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.695. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Fu, Y. X., 1997.** Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking, and background selection. Gene 147:915–925.

- Gouin, N., Grandjean, F., Bouchon, D., Reynolds, J.D., and Souty-Grosset, C., 2001.** Population genetic structure of the endangered freshwater crayfish *Austropotamobius pallipes*, assessed using RAPD markers. *Heredity*, 87, 80-87.
- Gouin, N., Souty-Grosset, C., Ropiquet, A., and Grandjean, F., 2002.** High dispersal ability of *Austropotamobius pallipes* revealed by microsatellite markers in a French brook. *Bulletin France Pêche Piscic.*, 367, 681-689.
- Garcia-Machado, E., Robainas, A., Espinosa, G., Oliva, M., Pa'ez, J., Verdecia, N., and Monnerot, M., 2001.** Allozyme and mitochondrial DNA variation in Cuban populations of the shrimp *Farfantepenaeus notialis* (Crustacea: Decapoda). *Marine Biology* 138:701–707.
- Grandjean, F., Harris, D.J., Souty-Grosset, C., and Crandall, K.A., 2000.** Systematics of the European endangered crayfish species *Austropotamobius pallipes* (Decapoda:Astacidae). *Journal of Crustacean Biology*, 20 (3), 522-529.
- Gross, R., Koiv, S., Prestegaard, T., Jussila, J., Paaver, T., Geist, J., Kokko, H., Karjalainen, A., and Edsman, L., 2013.** Microsatellite markers reveal clear geographic structuring among threatened noble crayfish (*Astacus astacus*) populations in Northern and Central Europe. *Conservation genetic*. DOI 10.1007/s10592-013-0476-9
- Haye, P. A., Tam, Y. K., and Kornfield, I., 2002.** Molecular phylogenetics of mole crabs (Hippidae: Emerita). *Journal of Crustacean Biology* 22, 903–915.
- Harlioğlu, M.M., 2008.** The harvest of the freshwater crayfish *Astacus leptodactylus* Eschscholtz in Turkey: harvest history, impact of crayfish plague, and present distribution of harvested populations. *Aquaculture International* 16: 351-360.9145-7.
- Harpending, H.C., 1994.** Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Human Biology*, 66, 591–600.
- Hillis, D and Moritz, M. C., 1990.** Molecular taxonomic. Sinauer associate, Inc. Publishers. Massachusetts.
- Karimpour., M., Harlioğlu, M.M., and Aksu, Ö. 2011.** Status of freshwater crayfish (*Astacus leptodactylus*) in Iran. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems* (2011) 401, 18.
- Khoshkhogh, MR., Pourkazmi, M., Nazari, S., Azizzadeh, L., 2011.** Genetic diversity in the Persian sturgeon (*Acipenser persicus*) in the south Caspian Sea based on mitochondrial DNA sequence analysis. *Caspian Journal of Environmental Sciences* 9(2), 27-36.
- Klinbunga, S., Penman, DJ, McAndrew, BJ, and Tassanakajon A., 1999.** Mitochondrial DNA diversity in three populations of the

- Giant Tiger Shrimp *Penaeus monodon*. Marine Biotechnology 1:113–121
- Klinbunga, S, Penman, DJ, McAndrew, BJ, Tassanakajon, A, and Jarayabhand, P., 1998.** Genetic variation, populations differentiation, gene flow of the giant tiger shrimp (*Penaeus monodon*) inferred from mtDNA-RFLP data. In: Flegel TW (ed) Advances in shrimp biotechnology. National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, Bangkok.
- Kretz, K.A., and O'Brien, J. S., 1993.** Direct sequencing of polymerase chain reaction products from low melting temperature agarose. Methods in Enzymology 218:72–79.
- Librado, P. and Rozas, J., 2009.** DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics 25: 1451-1452.
- Liua, Z.J. and Cordes. J.F., 2004.** DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. Aquaculture 238, 1 –37.
- Nazari, S., Pourkazemi, M., Khoshkholgh, MR. and Azizzadeh, L., 2013.** Population structure and variation in Persian sturgeon (*Acipenser percicus*) from the Caspian Sea as determined from mitochondrial DNA sequences of the control region. Progress in Biological Sciences, 3(2), 67-80.
- Nei, M and Tajima, M., 1981.** Molecular evolutionary genetics. New York, NY: Columbia University Press.
- Pourkazemi, M., Nazari, S., Khoshkholgh, MR. and Azizzadeh, L., 2012.** Genetic Relationships among Populations of the Persian sturgeon, *Acipenser percicus*, in the south Caspian Sea Detected by Mitochondrial DNA–Restriction Fragment Length Polymorphisms.. Caspian Journal of Environmental Sciences 10(2), 215-226.
- Raymond, M. and Rousset, F., 1995.** An exact test for population differentiation. Evolution 49, 1280-1283.
- Schubart, C.D., Neigel, J.E. and Felder, D.L., 2000.** Use of mitochondrial 16S rRNA gene for phylogenetic and population studies of Crustacea. Crustacea 12, 817–830.
- Schulz, R., and Sycke, J. 1999.** Freshwater crayfish populations *Astacus astacus* (L.) in Northeast Brandenburg (Germany): Analysis of Genetic Structure using RAPD-PCR. Freshwater Crayfish, 12, 387-395.
- Schulz, R., 2000.** Status of the noble crayfish *Astacus astacus* (L.) in Germany: monitoring protocol and the use of RAPD markers to assess the genetic structure of populations. Bulletin France Pêche Piscic., 356, 123-138.
- Schulz, H.K., Smietana, P and Schulz, R., 2004.** Assessment of DNA variation of Noble crayfish (*Astacus astacus*) in Germany and Poland using Inter-Simple Sequence Repeats (ISSRs). Bulletin France Péche.piscis, 372-373: 387-399.

- Stucki, T.P., 1999.** Life cycle and life history of *Astacus leptodactylus* in Chatzensee Lake (Zurich) and Lake Ageri in Switzerland. Freshwater Crayfish, 12, 430–448.
- Tajima, F., 1989.** Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics 123:585-595.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., and Kumar, S., 2013.** MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Molecular Biology and Evolution 30: 2725-2729.
- Tong, J. G., Chan, T. Y., and Chu, K. H., 2000.** A preliminary phylogenetic analysis of Metapenaeopsis (Decapoda: Penaeidae) based on mitochondrial DNA sequences of selected species from the Indo-West Pacific. Journal of Crustacean Biology 20, 543–551.
- Valles-Jimenez, R., Gaffney, P. M. and Perez-Enriquez, R., 2006.** RFLP analysis of the mtDNA control region in white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) populations from the eastern Pacific. Marine Biology, 148 ,(4), 867.
- Wang, J., Yang, M., Sun, C., Yang, Z., Cui, In K., Jang, and L., Song., 2014.** The genetic diversity and differentiation of shrimp *Fenneropenaeus chinensis* in the Yellow Sea revealed by polymorphism in control region of mitochondrial DNA. International Scientific Journal 11: 309-318.

Population genetic structure analysis of the freshwater crayfish (*Astacus leptodactylus*) in different region inferred from mtDNA control region sequencing

Majidreza Khoshkholgh^{1*}, Sajad Nazari²

*mkhoshkholgh2012@gmail.com

- 1- Faculty of Natural Resources, University of Guilan, P.O. Box 1144 Sowmehsara, Iran
2- Cold-water Fishes Genetic and Breeding Research Center, Iranian Fisheries Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Yasouj, Iran

Received: September 2015

Accepted: March 2016

Keywords: freshwater crayfish, *Astacus leptodactylus*, mtDNA, Caspian Sea, Aras River

Abstract

In this study population genetic structure of freshwater crayfish (*Astacus leptodactylus*) in Iran was investigated using direct sequencing of mtDNA control region. A total of 132 samples were collected from the different locations. The quality and quantity of total DNA were determined by agarose gel electrophoresis ethidium bromide staining and spectrophotometry, respectively. The results showed that 38 haplotypes were observed between samples in sequencing analyses. The haplotype diversity (h) and nucleotide diversity (π) were 0.811 ± 0.049 and 0.0127 ± 0.0038 sequencing techniques, respectively. Tajima's D and chi-square (χ^2) values were 3.120 and 78.25, respectively. The significant positive D value for the samples might suggest balancing selection. Significantly negative Fu's F_s values and significantly positive Harpending test values were taken as evidence of a population expansion. The results of F_{ST} , Exact test and analysis of molecular variance (AMOVA) demonstrated that samples between Siahdarvishan River, Jafrood River and Astara region in the southwest Caspian sea statistically are significant in sequencing techniques ($P < 0.0001$). Therefore three distinct groups were identified. These results showed that haplotype distributions in different locations were significant and populations of Siahdarvishan River and Astara region statistically were significant ($P < 0.0001$). These results suggests that the unique genetic structure of Siahdarvishan River, Jafrood River and Astara region represent a highly valuable genetic resource and provide useful information for identifying populations and genetic improvement.

* Corresponding author