

<http://www.SmartPDFCreator.com>

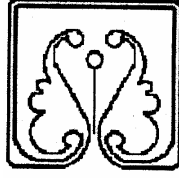


<http://www.SmartPDFCreator.com>

<http://www.SmartPDFCreator.com>

<http://www.SmartPDFCreator.com>

<http://www.SmartPDFCreator.com>



دانشگاه گیلان

دانشکده منابع طبیعی
گروه شیلات

پایان نامه کارشناسی ارشد

کاربرد مارکرهای مولکولی (**mtDNA** و میکروستلایت) در
تفکیک تاسماهی ایرانی
(*A. gueldenstaedtii*) از تاسماهی روسی (*A. persicus*)

از
کامبیز باقری

استاد راهنما
دکتر محمد پورکاظمی

بهمن 1388

دانشکده منابع طبیعی
گروه شیلات

عنوان:

کاربرد مارکرهای مولکولی (**mtDNA** و میکروستلایت) در
تفکیک تاسماهی ایرانی
(*Acipenser persicus*) از تاسماهی روسی (*A. gueldenstaedtii*)

از:
کامبیز باقری

استاد راهنما:
دکتر محمد پورداظمی

اساتید مشاور:
دکتر مجیدرضا خوش خلق
مهندس محمد حسن زاده صابر

بهمن 88

تقدیم به:

پدر و مادرم ، اسطوره های صبر ، محبت ، گذشت
و شمع های فروزان زندگیم.

و به همسر مهربان و

عزیزم

برای همه وقت هایی که به من اعتماد کردی

تقدیر و تشکر

اکنون که به یاری خداوند نگارش این پایان‌نامه به اتمام رسید، وظیفه خود می‌دانم که از زحمات تمام افرادی که مرا راهنمایی و یاری نموده‌اند، تشکر و قدردانی نمایم. در ابتدا از جناب آقای دکتر پورکاظمی که کار با ایشان برای من افتخاری بزرگ بود، کمال قدردانی و تشکر را دارم. همچنین مراتب سپاسگزاری خود را از استادان گرانقدر آقایان دکتر خوش خلق و مهندس حسن زاده که از تجربیات ارزشمند و راهنمایی‌های آموزنده‌اشان نهایت استفاده را برده‌ام، اعلام می‌دارم. از کلیه اساتید گرانقدر که در طی این سال‌ها به من آموختند و از مصاحبت‌های صادقانه‌اشان بهره‌مند شده‌ام، کمال سپاس و امتنان را دارم. از مدیریت و کارکنان انستیتو تحقیقات ماهیان خاویاری که در انجام این تحقیق نهایت همکاری را با اینجانب داشت‌اند، تشکر می‌نمایم. از همکلاسی‌ها و دوستان عزیزم، از سرکارخانم مهندس نریز زاده به خاطر کمک‌های بی‌دریغشان و کارشناسان بخش ژنتیک انستیتو ماهیان خاویاری و سایر عزیزانی که در این مدت یار و همراه بوده‌اند، نهایت قدردانی را دارم. در نهایت از خانواده و پدر و مادر عزیزم که در طول این سال‌ها همواره مشوق و پشتیبانم بوده‌اند و همسر مهربان که مایه دلگرمی و امیدم بود تشکر می‌نمایم. امیدوارم که نتایج این تحقیق توانسته باشد ذره‌ای از زحمات این بزرگواران را پاسخگو بوده باشد.

کامبیز باقری

بهمن 88

ش	فهرست مطالب
ص	چکیده فارسی
ص	چکیده انگلیسی

فصل اول: مقدمه و کلیات

2	1-1-1- مقدمه
2	1-1-1- اهمیت و ضرورت تحقیق
5	2-1- کلیات
5	1-2-1- سیستماتیک تاسماهیان
5	2-2-1- تاسماهی روسی
6	3-2-1- بیولوژی ماهی تاسماهی روسی
6	4-2-1- تاسماهی ایرانی
7	5-2-1- بیولوژی ماهی تاسماهی ایرانی
7	3-1- نشانگرها (markers)
8	1-3-1- نشانگرهای مورفولوژیک
8	2-3-1- نشانگرهای بیوشیمیایی
9	3-3-1- نشانگرهای DNA و mtDNA
10	4- میکروستلایت (Microsatellite)
11	5-1- نشانگرهای DNA میتوکندریایی (mtDNA)
13	6-1- تاریخچه مطالعه مارکرهای مولکولی در علوم شیلاتی
15	7-1- کاربرد های میکروستلایت
15	1-7-1- مطالعات ساختار جمعیت و محافظت
16	2-7-1- شناسایی DNA گونه و والدین و روابط والدینی
17	3-7-1- همه گیری و آسیب شناسی مولکولی
17	4-7-1- نقشه های ژنتیکی و نقشه های لینکاژی
17	5-7-1- نقشه لوسای صفات کمی
18	6-7-1- انتخاب به کمک مارکر MAS
18	7-7-1- Cell line
18	8-7-1- کاربرد میکروستلایت در مطالعات فیلوژنی
19	8-1- انشقاق گونه ها
21	1-8-1- حالت های ممکن منشاء گونه ها
22	2-8-1- عوامل موثر بر گونه زایی
23	9-1- مطالعات انجام شده برای تفکیک دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی

فصل دوم: مواد و روش ها

28	1-2- روش کار
28	1-1-2- جمع آوری نمونه
28	2-1-2- استخراج DNA کل
29	2-2- ارزیابی کمیت و کیفیت DNA استخراج شده
29	1-2-2- ارزیابی کمیت DNA استخراج شده با استفاده از روش اسپکتروفتومتری

- 29-2-2-2- ارزیابی کیفیت DNA با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز 29
- 3-2- تهیه پرایم‌های میکروستلایت 31
- 4-2- واکنش زنجیره ای پلیمراز (PCR) 31
- 1-4-2- انجام PCR 32
- 2-4-2- تهیه ژل پلی‌اکریلامید 33
- 5-2- تهیه پرایمر سیتوکروم b 34
- 6-2- ثبت تصاویر 35
- 7-2- تجزیه و تحلیل آماری داده ها 35

فصل سوم: نتایج

- 1-3- نتایج حاصل از استخراج DNA 37
- 2-3- نتایج حاصل از PCR آغازگرهای میکروستلایت 38
- 1-2-3- فاصله ژنتیکی با استفاده از مارکر میکروستلایت 55
- 2-2-3- رابطه خویشاوندی با استفاده از روش UPGMA 56
- 3-2-3- تست AMOVA 57
- 3-3- نتایج حاصل از PCR ژن سیتوکروم b 58
- 1-3-3- توالی یابی ژن Cyt b 59
- 4-3- ثبت ژن تاسمهای ایرانی 59
- 1-4-3- تعداد و درصد فراوانی نوکلئوتید های ژن سیتوکروم b در تاسمهای ایرانی 62
- 5-3- ثبت ژن تاسمهای روسی 63
- 1-5-3- تعداد و درصد فراوانی نوکلئوتید های ژن سیتوکروم b در تاسمهای روسی 65
- 6-3- مقایسه الگوی نوکلئوتیدی ژن سیتوکروم b در تاسمهای ایرانی و روسی 66
- 1-6-3- تخمین الگوی جانمایی نوکلئوتید 69
- 2-6-3- اختلاف ژنتیکی 70
- 7-3- نتایج آنالیز فیلوژنی 71
- 1-7-3- محاسبه درجه خویشاوندی 71
- 2-7-3- مقایسه فیلوژنی با استفاده از روش Maximum Parsimony 72
- 3-7-3- بررسی رابطه خویشاوندی با استفاده از روش UPGMA 73
- 4-7-3- بررسی رابطه خویشاوندی (Neighbor-Joining) 75
- 5-7-3- مقایسه 3 روش فیلوژنی 76
- فصل چهارم: بحث و نتیجه گیری
- 1-4- بحث 80
- 2-4- استخراج DNA 82
- 3-4- انتخاب مارکر مناسب 82
- 1-3-4- انتخاب مارکر سیتوکروم b 84
- 2-3-4- انتخاب مارکر میکروستلایت 85
- 4-4- توالی یابی 87
- 5-4- آنالیز میکروستلایت 88
- 6-4- آنالیز سیتوکروم b 89

89	1-6-4	اختلاف تكاملی
90	2-6-4	درجه خویشاوندی
90	3-6-4	مطالعات فیلوژنی
96	7-4	جمع بندی نهایی
97	8-4	نتیجه گیری
99		پیشنهادات
100		منابع

فهرست جدولها

- جدول 2-1- لوکوس، شماره دستیابی بانک ژن، موتیف تکراری، توالی آغازگرهای مورد استفاده و اندازه توالی 31
- جدول 2-2- نوع و مقدار مواد استفاده شده در واکنش زنجیره ای پلیمرز 33
- جدول 2-3- برنامه های داده شده به دستگاه PCR 33
- جدول 2-4- توالی پرایمر ژن سیتوکروم b طراحی شده 34
- جدول 3-1- اندازه آللی (جفت باز) محصول PCR گونه های تاسمهی ایرانی و روسی 41
- جدول 3-2- اندازه آللی (جفت باز) محصول PCR گونه های تاسمهی ایرانی و روسی 43
- جدول 3-3- اندازه آللی (جفت باز) محصول PCR گونه های تاسمهی ایرانی و روسی 46
- جدول 3-4- اندازه آللی (جفت باز) محصول PCR گونه های تاسمهی ایرانی و روسی 49
- جدول 3-5- اندازه آللی (جفت باز) محصول PCR گونه های تاسمهی ایرانی و روسی 51
- جدول 3-6- اندازه آللی (جفت باز) محصول PCR گونه های تاسمهی ایرانی و روسی 53
- جدول 3-7- تعداد الل واقعی و موثر تاسمهی ایرانی و روسی در 27 جایگاه پلی مورفیک بررسی شده 54
- جدول 3-8- فاصله ژنتیکی درون گونه ای و بیرگونه ای با استفاده از مارکر میکروستلایت 55
- جدول 3-9- تعداد و درصد فراوانی نوکلئوتید های ژن سیتوکروم b تاسمهی ایرانی 62
- جدول 3-10- تعداد و درصد فراوانی نوکلئوتید های ژن سیتوکروم b تاسمهی ایرانی 66
- جدول 3-11- تفاوت آرایش نوکلئوتیدی در جایگاه های مختلف ژن سیتوکروم b در تاسمهی ایرانی و روسی 69
- جدول 3-12- نسبت جانیشینی transition به transversion در توالی ژن تاسمهی ایرانی و روسی 70
- جدول 3-13- اختلاف ژنتیکی درون و بین گونه ای تاسمهی ایرانی و تاسمهی روسی 71
- جدول 3-14- درجه خویشاوندی بین تاسمهی ایرانی، تاسمهی روسی و فیل ماهی 72

- جدول 4-1- روشهای مختلف استفاده شده در استخراج DNA 82
- جدول 4-2- تعداد گونه های به کار گرفته شده در مطالعات فیلوژنی ماهیان 86
- جدول 4-3- مقایسه اختلاف ژنتیکی بدست آمده در تاسماهی ایرانی و روسی 89
- جدول 4-4- گونه های به کار گرفته شده در آنالیز فیلوژنی 91

فهرست شکلها

- تصویر 1-1 تاسماهی روسی 5
- تصویر 2-1 تاسماهی ایرانی 7
- تصویر 3-1 نقشه ژنی mtDNA 13
- تصویر 3-1-1 DNA استخراج شده از تاسماهی ایرانی و تاسماهی روسی 37
- تصویر 3-2-1 الگوی پرایمر AfuG 9 38
- تصویر 3-3-1 الگوی پرایمر AfuG 56 39
- تصویر 3-4-1 الگوی پرایمر AfuG 53 39
- تصویر 3-5-1 الگوی پرایمر AfuG 66 40
- تصویر 3-6-1 الگوی پرایمر AfuG 67 40
- تصویر 3-7-1 الگوی پرایمر AfuG 68 41
- تصویر 3-8-1 الگوی پرایمر AfuG 74 42
- تصویر 3-9-1 الگوی پرایمر AfuG 95 42
- تصویر 3-10-1 الگوی پرایمر AfuG 112 43
- تصویر 3-11-1 الگوی پرایمر AfuG 119 43
- تصویر 3-12-1 الگوی پرایمر AfuG 122 44
- تصویر 3-13-1 الگوی پرایمر AfuG 160 44
- تصویر 3-14-1 الگوی پرایمر AfuG 195 45
- تصویر 3-15-1 الگوی پرایمر AfuG 204 45
- تصویر 3-16-1 الگوی پرایمر AfuG 229 46
- تصویر 3-17-1 الگوی پرایمر AfuG 241 47
- تصویر 3-18-1 الگوی پرایمر AoX 27 47
- تصویر 3-19-1 الگوی پرایمر LS 62 48
- تصویر 3-20-1 الگوی پرایمر LS 68 48
- تصویر 3-21-1 الگوی پرایمر Spl 104 49

50	Spl 105	پرایمر الگوی	22-3	تصویر
50	Spl 113	پرایمر الگوی	23-3	تصویر
51	Spl 120	پرایمر باند الگوی	24-3	تصویر
51	Spl 163	پرایمر الگوی	25-3	تصویر
52	Spl 168	پرایمر الگوی	26-3	تصویر
52	Spl 170	پرایمر الگوی	27-3	تصویر
53	Spl 173	پرایمر الگوی	28-3	تصویر
58	cyt b	بر روی ژل آگارز	29-3	تصویر محصول واکنش زنجیره ای پلیمرز
		cyt b	بر روی ژل پلی	30-3	تصویر محصول واکنش زنجیره ای پلیمرز
58			6%	اکریلامید

فهرست نمودارها

نمودار 3-1- دندروگرام UPGMA بین تاسمهی ایرانی و روسی با استفاده از مارکر میکروسیتیت..... 56

نمودار 3-2- دندروگرام Maximum Parsimony بین تاسمهی ایرانی و روسی با استفاده از ژن Cyt b..... 73

نمودار 3-3- دندروگرام UPGMA با استفاده از ژن Cyt b بدون outgroup..... 74

نمودار 3-4- دندروگرام UPGMA با استفاده از ژن Cyt b با outgroup..... 74

نمودار 3-5- دندروگرام Neighbor-Joining با استفاده از ژن Cyt b بدون outgroup..... 75

نمودار 3-6- دندروگرام Neighbor-Joining با استفاده از ژن Cyt b با outgroup..... 76

نمودار 3-7- دندروگرام شماره ای Neighbor-Joining با استفاده از ژن Cyt b..... 78

نمودار 4-1- دندروگرام Maximum Parsimony بین تاسمهی ایرانی و روسی و گروه های خارجی..... 93

نمودار 4-2- دندروگرام Neighbor-Joining بین تاسمهی ایرانی و روسی و گروه های خارجی..... 94

چکیده :

کریبرد مارکرهای مولکولی (mtDNA) و میکروستلایت در تفکیک تاسماهی ایرانی (*Acipenser persicus*) از تاسماهی روسی (*A. gueldenstaedtii*) کامبیز باقری

به منظور بررسی امکان تمایز ژنتیکی بین تاسماهی ایرانی (*Acipenser persicus*) و تاسماهی روسی (*Acipenser gueldenstaedtii*) با استفاده از روشهای تعیین توالی ژن سیتوکروم b و میکروستلایت (Microsatellite) تعداد 5 عدد تاسماهی ایرانی و 5 عدد تاسماهی روسی نمونه برداری گردید. DNA ژنومی نمونه ها با استفاده از روش فنل-کلروفورم استخراج شد، کمیت و کیفیت آنها با استفاده از ژل آگارز 1 درصد و دستگاه نانودراپ (مدل ND1000) تعیین گردید. یک جفت پرایمر (Forward و Reverse) ژن سیتوکروم b میتوکندریایی تاسماهی روسی به شماره ثبت AJ563385 در بانک ژن ncbi با استفاده از نرم افزار GeneRuner طراحی و سنتز شد. چهار نمونه از DNA تاسماهی ایرانی و چهار نمونه از DNA تاسماهی روسی PCR شد و تعیین توالی شدند. داده های حاصل از PCR تولید باندهایی در محدوده 1100 - 1000 جفت باز نمودند. توالی دو نمونه از تاسماهی ایرانی به شماره های EU910272 و EU910273 و دو نمونه از تاسماهی روسی به شماره های EU910274 و EU910934 در بانک ژن ncbi ثبت گردید. با مرتب کردن و مقایسه توالی های نمونه ها مشاهده شده که در یک ناحیه از ژن سیتوکروم b دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی با یکدیگر متفاوتند و در چند موقعیت دیگر تفاوت های درون گونه ای مشاهده شد. آنالیزهای فیلوژنی از قبیل اختلاف تکاملی، درجه خویشاوندی و درخت فیلوژنی بر اساس روشهای Maximum parsimony، UPGMA و Neighbor-Joining با استفاده از نرم افزار MEGA4 ترسیم گردید. جهت بررسی تمایز بین تاسماهی ایرانی و روسی با استفاده از 30 جفت پرایمر میکروستلایت، واکنش زنجیره ای پلیمرار (PCR) انجام گردید. محصول تکثیر شده روی ژل پلی آکریل آمید 6% الکتروفورز و با محلول نیترات نقره رنگ آمیزی شد و آنالیز داده ها با استفاده از نرم افزار GenAlex محاسبه شد.

نتایج حاصله از ژن Cyt b نشان داد که نمونه های تاسماهی ایرانی و روسی بین 0/1-0/5% با یکدیگر اختلاف تکاملی دارند. در استقرار گونه ها در درخت های فیلوژنی رسم شده همخوانی مشاهده شد. موقعیت قرار گیری نمونه های تاسماهی ایرانی و روسی در درخت های فیلوژنی کلاسترهای جدا و بدون هیچ همپوشانی با یکدیگر با شاخص اطمینان ($bootstrap < 98\%$) قرار می گرفتند و بر اساس تست Tajima دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی در سطح اطمینان 0/05 مشاهده شد که نرخ مساوی بین تکامل شجره ها وجود دارد ($P=0/65$).

در تمام جایگاه های میکروستلایت پلی مو فیسم دیده شد و در 11 جایگاه باند دیسومیک مشاهده شد. بر اساس تست AMOVA میزان Fst با احتمال 95% بین تاسماهی ایرانی و روسی 0/045 محاسبه گردید که نشان دهنده تمایز و فنکیک ژنتیکی متوسط بین دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی است. با استفاده از نرم افزار TFPGA دندروگرام UPGMA بر اساس فواصل ژنتیکی ترسیم شد و با استفاده از معیار فاصله ژنتیکی (Nei, 1972) فاصله ژنتیکی بین دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی 0/322 و شباهت ژنتیکی 0/724 بدست آمد. با توجه به نتایج بدست آمده از مارکر میکروستلایت، هیچ باند

اختصاصی جهت تمایز این دو گونه مشاهده نشد و این مارکر برای تمایز دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی کارایی پایینی داشت. ولی ژن Cyt b نتایجی قابل اطمینان و دقیقتری ارائه داد. وجود اختلاف نوکلئوتیدی، میزان اختلاف ژنتیکی بدست آمده و قرار گرفتن تاسماهی ایرانی در شاخه ای جدا روی درختیای فیلوژنی ژن سیتوکروم b را به عنوان یک مارکر شاخص جهت تمایز دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی معرفی می کند و مشخص شد که روش mtDNA قابلیت تمایز گونه ای بالاتری نسبت به روش میکروستلایت دارد.

کلمات کلیدی: تاسماهی ایرانی، تاسماهی روسی، سیتوکروم b، میکروستلایت

Abstract

Application of molecular markers (mt DNA and microsatellite) on differentiation of Persian sturgeon (*Acipenser persicus*) from Russian sturgeon (*Acipenser gueldenstadtii*)
Kambiz Bgaheri

For study of possibility on genetic differentiation between Persian sturgeon and Russian sturgeon using Cytb direct sequencing and microsatellite, 5 specimens from each species were collected. Genomic DNA was extracted using phenol-chloroform method. The quality and quantity of DNA was determined using (1%) agarose gel electrophoresis and Nanodrap spectroscopy. One pair mtDNA- Cytb gene primers from Russian sturgeon designed and synthesized using sequence GeneRuner. In this study 4 DNA samples from each species were amplified by PCR and sequenced. The PCR amplification produced a 1000-1100 bp bands. Phylogenetic analysis composed on base maximum Parsimony, UPGMA and Neighbor-Joining using MEGA 4, such as development different, sibling degree and phylogeny tree.

For differentiation between Persian and Russian sturgeon microsatellite analysis was conducted using 30 pairs of primers. PCR amplified fragments were runned on 6% PAGE-Electrophoresis followed by silver-nitrate staining. Data analysis was conducted using Gene Alex, program.

Sequencing of 2 samples from Persian sturgeon (EU 910272 & EU 910273) and 2 samples from Russian sturgeon (EU 910274 & EU910934) submitted in Gene Bank (NCBI). With sequence comparison some differences was observed in different Cytb gene of 2 species and in several other position showed intraspecific differences Results obtained from Cytb gene studies shown that Persian and Russian sturgeon samples had between 0.1- 0.5 % phylogenetic differences. The position of Persian and Russian sturgeon samples in phylogeny trees emphasized isolation clusters and no overlap together by confidence limit (98% < Bootstrap) and on based Tajima test it observed that Persian and Russian sturgeon lied in 0.05 confidence level that there are equal rate between pedigree development (p=0.65).

In all microsatellite loci, polymorphism were observed and 11 loci were represent a cisomic banding pattern. On the bases AMOVA test, Fst value between Persian and Russian sturgeon was 0.045 (P=95%), which demonstrate a moderate genetic distance between 2 species. Using TFPGA software, a UPGMA dendrogram was drawn. On the bases of genetic distance index (Nei, 1972), it revealed a genetic distance of 0.322 and genetic similarity 0.724 between Persian and Russian sturgeon. Microsatellite studies detect no specific band for differentiation between 2 species and this marker had low performance on species specific marker in Persian and Russian

sturgeon, However, Cytb. gene revealed more reliable and confident results. Existence of nucleotide difference, genetic difference rate and located Persian sturgeon on other part on phylogeny trees, introduce Cytb as a important marker for distinction between Persian and Russian sturgeon. Therefore it can be concluded that mtDNA molecule has better ability for species differentiation than microsatellite markers.

Key words: Persian sturgeon, Russian sturgeon, Cytb, Microsatellite.

این تحقیق با مساعدت مالی
انستیتوت تحقیقات ماهیان خاویاری
دکتر دادمان انجام شده است

فصل اول : مقدمه و کلیات

ماهیان با حدود 25 هزار گونه گروه بزرگی از مهره داران را تشکیل می‌دهند (Nelson, 1994). برای چندین قرن سیستماتیک آنها با اندازه گیری خصوصیات مورفولوژیک و مریستیک انجام می‌شد. توسعه روشهای مولکولی به تقویت مطالعات سیستماتیک ماهیان کمک فراوانی کرده است. روشهای جدید برای سیستماتیک ماهیان صفات مناسب جدیدی را برای آنالیز روابط مابین گونه ها پیشنهاد کرد. روشهای مولکولی بسیاری از تقسیم بندی های مورفولوژیک را تایید می‌کند و در برخی موارد گروه بندی نادرست آن را نیز آشکار می‌کند. در کل هماهنگی بین روشهای مولکولی و مورفولوژیک بالا است. اگرچه روشهای مورفولوژیک در شناسایی جنس (genera) عملکرد خوبی دارد ولی شناسایی در حد گونه و روابط مابین آنها با مشکل روبه رو است. در گذشته تعیین دقیق زمان گونه زایی به دلیل نبود امکانات ژنتیکی فقط به صورت استقرا انجام می‌شد و فقط فنوتیپ ها را مطالعه میکردند. از این رو مشخص نبود که تا چه حد اختلافات مورفولوژیک می‌تواند مکانیسم جدایی ژنتیکی را نشان دهد. نمی‌توان تنوع ژنتیکی یک گونه را بطور مستقیم از داده های فنوتیپی بدست آورد زیرا تأثیر عوامل محیطی مانع تفسیر صحیح و دقیق آنها می‌شود. بنابراین به روشهای علمی که بر پایه طرحهای آزمایشگاهی باشند نیاز است.

بیشترین کاربرد مارکرهای مولکولی، آنالیز فیلوژنی سطوح پایین گونه‌ها است که در گذشته میسر نبود، خصوصاً آنالیز تمایز جغرافیایی مابین جمعیت‌ها و درون گونه‌ها بود. برای مدیریت اصولی ذخایر ابتدا باید از تنوع ژنتیکی بین و درون جمعیتها آگاهی داشته باشیم. از این رو حفظ تنوع زیستی یکی از مؤلفه‌های ضروری در برنامه‌های مدیریتی است.

1-1-1- اهمیت و ضرورت تحقیق:

تاسماهیان *Acipenseridae* یکی از قدیمیترین و ابتداییترین ماهیان غضروفی - استخوانی می‌باشد، که حدود 250 میلیون سال پیش تکوین یافته‌اند (Ludwig et al., 2001). از بین 27 گونه تاسماهیان و پاروپوزه ماهیان 6 گونه در دریای خزر و رودخانه های منتهی به آن زندگی می‌کنند، شامل گونه استرلیاد (*Acipenser ruthenus*)، اوزون برون (*Acipenser stellatus*) تاسماهی

ایرانی (*Acipenser persicus*)، تاسماهی روسی (*Acipenser gueldenstaedti*)، فیلماهی (*Huso huso*)، شیپ (*Acipenser nudiventris*) که حدود 90% خاویار جهان را تولید می‌کردند و گوشت و خاویار این ماهیان از گذشته به عنوان منابع با ارزش غذایی به شمار می‌آید. ذخایر ماهیان خاویاری دریای خزر به علت فشار صید بی‌رویه صید غیر قانونی، آلودگی و تخریب زیستگاه‌ها شدیداً کاهش یافته و به این دلیل در لیست ماهیان در معرض خطر اتحادیه بین‌المللی حفاظت از طبیعت IUCN (IUCN, 1996) قرار گرفته و از سال 1997 به بد تمام این ماهیان در فهرست کنوانسیون نظارت بر تجارت گونه‌های در خطر انقراض (CITES)¹ قرار گرفته‌اند (Pourkazemi et al., 2000).

حدود 80% صادرات خاویار ایران به گونه تاس ماهی ایرانی (*Acipenser persicus*) تعلق دارد، و فقط کشور جمهوری اسلامی ایران سهمیه صید تجاری و صادرات این نوع خاویار را در بین 5 کشور ساحلی دارد. از آنجا که از لحاظ سیستماتیک و فیلوژنی این گونه بیشترین شباهت را با گونه تاسماهی روسی (*Acipenser gueldenstaedti*) دارد، و تاکنون از لحاظ مولکولی کسی موفق به یافتن مارکر مولکولی جهت تمایز این دو گونه نشده است. بعضی از محققین روسی این ادعا را دارند که گونه تاسماهی ایرانی که بیشترین فراوانی را در آبهای سواحل جنوبی خزر را دارد، همانند گذشته یکی از زیر گونه‌های تاسماهی روسی است (*Acipenser gueldenstaedtii persicus*)؛ به بیان دیگر از لحاظ سیستماتیک تاسماهی ایرانی را گونه‌ای مستقل تلقی نمی‌کند (Birstein et al., 1998).

از طرفی تجارت خاویار در بازارهای جهانی توسط کنوانسیون CITES کنترل می‌گردد. و تاکنون مارکر مولکولی مبتنی بر DNA برای تمایز این دو گونه معرفی نشده است. و در صورت عدم تفاوت بین این دو گونه امکان دارد که مجمع بین‌المللی سهمیه صادرات خاویار تاسماهی ایرانی را نپذیرند و تجارت جهانی خاویار تاسماهی ایرانی با محدودیت جدی مواجه شود. با توجه به نقش گونه تاسماهی ایرانی در تجارت بین‌المللی، شناسایی و تفکیک ژنتیکی و معرفی مارکر DNA در جهت اثبات گونه تاسماهی ایرانی به عنوان گونه‌ای مستقل و بومی ایران بسیار مهم می‌باشد، چرا که تجارت

¹ . Convention On International Trade In Endangered Species, Founa and Flora

خاویار تاسماهی ایرانی سالانه حدود 25 میلیون دلار برای کشور درآمندی دارد.

مطالعات زیادی توسط محققین به روش مورفولوژیک (Vasil'eva, 2009)، بیوشیمیایی (Keyvanfar et al., 1988) و روش مولکولی (Ruban et al., 2008) برای تمایز گونه‌های تاسماهیان و معرفی مارکر مولکولی خاویار در دنیا انجام شده است. ولی تاکنون موفق به معرفی مارکر مولکولی جهت تمایز دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی نشدند.

اهداف و فرضیه های تحقیق:

اهداف:

1_ تفکیک و تمایز مولکولی دو گونه تاسماهی ایرانی از

روسی

2_ امکان معرفی مارکر مولکولی جهت تمایز دو گونه

فرضیات :

1 - روش میکروستلایت قادر است دو گونه تاسماهی ایرانی و روسی را از یکدیگر تفکیک نماید.

2 - روش mtDNA قابلیت تمایز گونه ای بالاتری نسبت به روش میکروستلایت دارد.

3 - شباهت ژنتیکی بسیار بالایی بین دو گونه مزبور وجود دارد.