

معرفی نشانگرهای ژنتیکی شناسایی جمعیت سه گونه ماهی سفید، سس ماهی و ماهی سیم دریای

خزربه روش PCR - RFLP

محمد جواد تقوی^{۱*}، فرامرز لالوئی^۲، محجوبه نیرانی^۳، رضا عقیلی^۴، غلامرضا رازقیان^۵

۱، ۲، ۳، ۵ - پژوهشکده اکولوژی دریای خزر، ساری، صندوق پستی ۹۶۱

۴ - دانشگاه آزاد اسلامی واحد گرمسار

نویسنده مسئول: J_taghavi2001@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق سه گونه از کپور ماهیان *Cyprinidae* (سفید *Rutilus frisii kutum*، سیم *Abramis brama* و سس *Barbus capito*) در سواحل مرکزی حوضه جنوبی دریای خزر مورد مطالعه قرار گرفت. جهت استخراج DNA نمونه ها از باله ماهی به روش فنل - کلروفرم استفاده شده است و طبق توالی نوکلئو تیدهای ژن سیتوکروم b ماهی کلمه *Rutilus rutilus caspicus* یک جفت پرایمر طراحی شد که در نتیجه آن محصول PCR به طول ۱۱۱۷ bp بدست آمد. جهت هضم

آنزیمی محصول PCR از آنزیم های *Alu I* , *BamH I* , *Rsa I* , *Alw26I* , *Dpn I* , *Eco47 I* , *HhaI* , *Hae III* , *Hinc* ، *Mbo I* و *Msp I* , *Taq I* , *Hinf I* , *Hinc II* و آنزیم *Rsa I* , *Hha I* , *Mbo I* , *Hinf I* سه نوع ژنوتیپ و سایر آنزیمها ژنوتیپ یکسانی را نشان دادند. در این تحقیق از نرم افزارهای REAP و PAUP جهت تجزیه و تحلیل آماری داده ها استفاده شده است. بر اساس داده های حاصله، فاصله تکاملی بین سس و سیم ، ۰/۲۵۲۳، بین سیم و سفید ۰/۱۷۸۲ و بین سس و سفید ۰/۳۵۰۰ بود. با مقایسه اطلاعات مشاهده میشود که بیشترین فاصله تکاملی بین ماهی سفید و سس بوده و کمترین فاصله بین سیم و سفید بوده است. آزمون شبیه سازی (χ^2 test) Mont – Carlo بر اساس تشابه و یا عدم تشابه ژنتیکی گونه های مورد مطالعه با ۱۰۰۰ مرتبه شبیه سازی ، اختلاف معنی داری بین گونه ها نشان داد ($P < 0.0001$) . علاوه بر این کلادوگرامهای حاصل از آنالیز داده های مولکولی بر اساس مدل UPGMA ترسیم شده که با موازنه یکسان تمام صفات نوکلئوتیدی و آنالیز ۴۶ صفت ، چهار کلادوگرام حاصل شد که با تلفیق این کلادوگرامها ، درخت مرکزی بدست آمد.

کلمات کلیدی : نشانگر ژنتیکی ، PCR - RFLP ، ماهی سفید ، ماهی سیم، ماهی سس