مجله بوم شناسی آبزیان

Journal homepage: http://jae.hormozgan.ac.ir

شناسایی ماهیان قنات‌های منطقه تفت و مهریز یزد با استفاده از بارکد ژنتیکی

ایرج هاشم‌زاده سقرلو*

گروه شیلات و محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی و علوم زمین، دانشگاه شهرکرد

نوع مقاله:
پژوهشی

تاریخچه مقاله:
دریافت: ۹۳/۰۵/۱۴
اصلاح: ۹۳/۰۷/۲۰
پذیرش: ۹۳/۰۷/۲۹

کلمات کلیدی:
قنات
هاپلوتایپ
یزد
COI

چکیده

در این مطالعه ماهیان ۸ رشته قنات در تفت و مهریز استان یزد با استفاده از توالی ژن *COI* در مقایسه با نمونه های متعلق به رودخانه های سیروان، کارون، مند، کر، حوضه کرمان و حوضه نمک مورد بررسی قرار گرفتند. گونه های *Capoeta saadi* و *Cyprinion* sp. در قنات های مورد مطالعه مشاهده شدند. تنوع هاپلوتایپی در قنات ها صفر بود. هاپلوتایپ ماهیان *C. saadi* قنات های مورد مطالعه با هاپلوتایپ متعلق به حوضه کر یکسان بود. هاپلوتایپ *Cyprinion* sp. با هاپلوتایپ های گونه های *Cyprinion watsoni* و *Cyprinion macrostomum* حوضه های مند و کارون فاصله ژنتیکی قابل توجهی (۱/۶۸-۱/۹۴ درصد) داشت. در بررسی‌های شجره شناسی، جنس *Capoeta* یک گروه تک شجره ای را تشکیل داد که جنس‌های *Luciobarbus*، *Barbus* نسبت به آن اجدادی بودند و بر پایه اطلاعات به دست آمده جنس *Cyprinion* نسبت به سایر جنس‌های مورد مطالعه قدیمی‌تر است که شاید با سطح پلوئیدی آن (دیپلوئید) در مقایسه با سایر جنس ها قابل توجیه باشد.

مقدمــه

قنات‌ها از سامانه های آبرسانی کهن ایران و یکی از شاخص‌های دانش سنتی و علم مهندسی آب در ایران هستند. این سازه ها علاوه بر اهمیت به عنوان شاخص دانش سنتی و منابع پایدار تأمین آب، در مناطق کویری و خشک کشور به عنوان تنها پناه‌گاه حیات آبزیان نقش ایفا می کنند. قنات ها در مناطق مختلف کشور به واسطه خشکسالی، برداشت بی رویه آب‌های زیرزمینی و احداث چاه‌های عمیق در حال تهدید هستند. در بسیاری از نقاط کشور قنات ها در حال تخریب بوده و از دست می روند. این تهدید نه تنها سبب نابودی شاخص دانش سنتی کشور و یکی از جاذبه های منحصر به فرد کشورمان می شود، بلکه تنها پناهگاه پایدار آبزیان را در مناطق خشک کشور که از نظر منابع آب سطحی فقیر هستند، نیز از بین برده و تنوع زیستی مناطق یاد شده را تا حد نابودی پیش می برد. علاوه بر این، حیات آبزیان این مناطق می تواند به واسطه ورود گونه های مهاجم نیز تهدید شود.

استان یزد یکی از استان های خشک کشور است. امروزه در این استان رودخانه دائمی برای زیست آبزیان وجود ندارد و تنها پناه‌گاه دائمی آبزیان و به ویژه ماهیان استان، قنات های آن است که جمعیت های کوچکی از ماهیان را که بیشتر هم از کپورماهیان هستند تحت پوشش قرار می دهد. در استان یزد نیز مشکل خشکسالی، تخریب قنات ها و تهدیدهای مرتبط با گونه های غیربومی خودنمایی می کند. در استان یزد در منطقه بافق گونه غیربومی تیلاپیای نیل پرورش داده می شود و ممکن است محدوده پرورش این گونه از منطقه بافق فراتر برود. در صورتی که این گونه به محیط های قنات یا منابع آب سطحی راه پیدا کند، می تواند اثرات منفی بر جمعیت های آبزیان بومی گذاشته و حتی جایگزین آنها شود.

* نویسنده مسئول، پست الکترونیک: ihashem@nres.sku.ac.ir

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]

علی رغم آنکه در مناطق مختلف کشور تاکنون مطالعاتی در مورد ماهیان قنات انجام شده است (جوهری و همکاران، ۱۳۸۹؛ ابراهیمی، ۱۳۸۶؛ صادقی وهمکاران، ۱۳۹۱؛ مشکانی و پورکاسمانی، ۱۳۸۲)، اما تاکنون در مورد جمعیت های آبزیان قنات‌های استان یزد مطالعه ای انجام نشده که بتوان از تنوع زیستی آنها و گونه های ساکن قنات‌ها اطلاعاتی به دست آورد تا در مدیریت و حفاظت آنها تمهیدات لازم را اعمال نمود. با وجود خطرات یادشده بیم آن می‌رود که گونه های ماهیان استان بدون شناسایی و مطالعه نابود شده و بخشی از ذخایر ژنتیکی کشور برای همیشه از دست برود. برای شناسایی تنوع ماهیان و جمعیت های آنها می توان از روش های مختلفی شامل روش‌های ریخت سنجی و روش‌های ژنتیکی استفاده کرد. ویژگی های ریختی ماهیان می تواند تاحدی تحت تأثیر عوامل محیطی قرار گرفته و بررسی ها را با خطا روبه رو کند. امروزه با توسعه روش های ژنتیکی می توان روابط زیستی و شجره شناسی موجودات را به دور از اثرات و خطاهای محیطی به صورت واقعی‌تر سنجید. برای مثال می توان با استفاده از نشانگرهای جمعیتی مثل ریزماهواره ها، به بررسی ساختار جمعیت ها، روابط مهاجرتی، سیستم های تولید مثلی، اندازه مؤثر جمعیت ها، واحدهای مهم مدیریتی و بسیاری از سوالات مرتبط با بوم‌شناسی موجودات پاسخ داد. همچنین برای بررسی روابط رده بندی و بحث های تکاملی و شناسایی واحدهای مهم تکاملی می توان از نشانگرهایی مثل ژن‌های میتوکندریایی از قبیل *Cyt* b، *COI* برای هر دو گروه موجودات دیپلوئید و پلی پلوئید و یا ژن های هسته ای بیشتر برای گروه های مختلف رده بندی موجودات دیپلوئید استفاده کرد (Hallerman, 2003; Levin *et al.*, 2012). ژنوم میتوکندریایی به دلیل توارث تک شجره ای، اندازه هاپلوئید، عدم وجود سیستم ویرایش و عدم وجود نوترکیبی به عنوان یکی از نشانگرهای مفید برای قضاوت های رده بندی و مباحث شجره شناسی قابل استفاده است (Hallerman, 2003). البته در این ژنوم توالی هایی مثل توالی ناحیه کنترلی D-Loop به دلیل ضریب جهش بالاتر و عدم تأثیرپذیری از فرآیند انتخاب طبیعی برای بررسی های در سطح درون گونه ای (جمعیتی) مناسب تر از ژن هایی مثل *Cyt*-b و سایر ژن های موظف هستند (Hallerman, 2003). با توجه به ویژگی های ژنوم میتوکندریایی و با توجه به اینکه کپورماهیان که بیشتر ماهیان قنات را تشکیل می دهند دارای انواع مختلفی از گروه های پلوئیدی هستند، برای دوری از مشکل استفاده از توالی های هسته ای در تفسیر روابط رده بندی، از ژنوم میتوکندریایی برای این مطالعه استفاده شد. علاوه بر این با توجه به اینکه در سال های اخیر جنبشی جهانی در تهیه توالی ۶۵۰ جفت نوکلئوتید انتهای '5 ژن *COI* به عنوان توالی بارکد استاندارد برای شناسایی گونه‌های جانوری آغاز شده است (Hebert *et al.*, 2003; Hubert *et al.*, 2008) و توالی یادشده در بیش از ۹۰ درصد جانوران در شناسایی گونه ها موفق بوده است (Hubert *et al.*, 2008) در این مطالعه نیز از ژن *COI* برای شناسایی ماهیان قنات های منطقه مورد مطالعه استفاده شد.

مواد و روش‌ها

نمونه برداری از ماهیان مورد استفاده در این مطالعه در سال های ۹۱-۱۳۹۰ با استفاده از تور ساچوک در قنات های منطقه تفت و مهریز استان یزد انجام شد (جدول ۱). در زمان نمونه برداری باله سینه ای یا شکمی سمت راست ماهیان قطع و در الکل اتانل ۹۶ درصد برای مطالعات ژنتیکی تثبیت شد و تعدادی از ماهیان نمونه برداری شده در فرمالین ۱۰ درصد جهت نگهداری در آرشیو تثبیت شدند.

نمونه های DNA با استفاده از روش Chelex100 استخراج شدند (Estoup *et al.*, 1996). برای تکثیر ژن *COI*، آغازگرهای *FCOI20* (5'-AACCTCTGTCTTCGGGGCTA-3') و *RCOI20III* (TTGAGCCTCCGTGAAGTGTG) مورد استفاده قرار گرفتند (Hashemzadeh Segherloo *et al.*, 2012). برای انجام عملیات تعیین توالی ژن *COI*، ابتدا این ژن تکثیر شد. هر واکنش PCR به حجم ۲۵ میکرولیتر، شامل ۱۸ میکرولیتر آب مقطر، ۲/۵ میکرولیتر بافر ۱۰ ایکس، ۰/۵ میکرولیتر کلریدمنیزیم ۵۰ میلی مولار، ۰/۵ میکرولیتر از محلول ۱۰ میلی مولار هر آغازگر، ۰/۵ میکرولیتر dNTP ۲۵ میلی مولار، ۰/۵ میکرولیتر آنزیم بیوتگ (۵ واحد در میکرولیتر) و ۲ میکرولیتر DNA بود (Estoup *et al.*, 1996). شرایط دمایی واکنش زنجیره پلیمراز شامل یک چرخه ۱۰ دقیقه ای در دمای ۹۴ درجه سانتیگراد، ۳۵ چرخه ۹۴ درجه سانتیگراد (۱ دقیقه)، ۵۵ درجه سانتیگراد (۱دقیقه) و ۷۲ درجه سانتیگراد (۱ دقیقه) و در نهایت یک چرخه ۱۵ دقیقه ای در ۷۲ درجه سانتیگراد بود. در

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]

نتیجه واکنش PCR، یک قطعه از ژنوم میتوکندریایی به طول تقریبی ۱۱۰۰ جفت باز تکثیر شد. برای انجام بررسی های شجره‌شناسی، توالی انتهای '5 ژن *COI* با استفاده از دستگاه ABI 3100 تعیین شد. برای انجام عملیات تعیین توالی از آغازگر پیشرو (*FCOI20*) استفاده شد. توالی های خام به صورت چشمی با استفاده از نرم افزار Bioedit V 7.1.3 ویرایش شدند. عملیات انطباق توالی های *COI* با استفاده از نرم افزار ClustalX (1.83) (Thompson *et al.*, 1997) انجام شد. به منظور یافتن توالی های مشابه برای استفاده در بررسی شجره شناسی، هاپلوتایپ های به دست آمده با استفاده از جستجوی Blast در بانک ژن (NCBI) با سایر توالی های موجود برای گونه های کپورماهیان (Cyprinidae) مقایسه شدند (Altschul *et al.*, 1997) و تعدادی از ژن‌های موجود در بانک ژن نیز در بررسی های رده بندی مورد استفاده قرار گرفت (شکل ۱). پس از انطباق و یکپارچه کردن توالی ها، یک قطعه به طول ۶۳۵ جفت باز انتخاب شد، که در بین ماهیان مورد مطالعه و توالی های موجود در بانک ژن مشترک بود. برای این که شاخصی کمی برای مقایسه مقدار تمایز در بین گونه ها در دست باشد، از فاصله ژنتیکی K2P (Kimura, 1980) محاسبه شده با استفاده از نرم افزار MEGA6 استفاده شد (Tamura *et al.*, 2013). برای ترسیم دارنگاره از روش Maximum Parsimoni و Neighbor-Joining موجود در نرم افزار MEGA6 استفاده شد. از توالی ژن *COI* ماهی *Danio rerio* به عنوان گروه خارجی استفاده شد. برای تأیید اعتبار شاخه های دارنگاره از آزمون بوسترپ با ۱۰۰۰ تکرار استفاده شد. علاوه بر موارد یادشده برای تعیین حوضه منشأ نمونه های قنات ها از نمونه های متعلق به سایر حوضه ها مثل حوضه کر، نمک و کرمان استفاده شد.

برای ترسیم شبکه هاپلوتایپی و مشاهده روابط هاپلوتایپ های به دست آمده از نرم افزار TCS 1.21 (Clement *et al.*, 2000) استفاده شد. برای مشاهده همه هاپلوتایپ ها در یک شبکه هاپلوتایپی، تعداد گام های جهشی در نرم افزار افزایش داده شد.

جدول ۱. مشخصات قنات های نمونه برداری شده

منطقه	نام قنات	گونه	تعداد نمونه	N	E
مهریز	بغداد آباد	*Cyprinion* sp.	۱۰	۳۱° ۳۵' ۲۳"	۵۴° ۲۴' ۸"
بخ	حسن آباد	*Capoeta saadi*	۳	۳۱° ۱۷' ۹"	۵۴° ۴۴' ۲۷"
مهریز	حسن آباد	*C. saadi*	۳	۳۱° ۳۳' ۰/۳۳"	۵۴° ۲۵' ۴۳/۷"
مهریز	حسن آباد	*C. saadi*	۱	۳۱° ۳۳' ۰/۳۳"	۵۴° ۲۵' ۴۳/۷"
تفت	گاریز علیا	*C. saadi*	۴	۳۱° ۱۸/۲۱۲'	۵۴° ۶/۲۶۹'
مهریز	حسن آباد	*C. saadi*	۸	-	-
تفت	خوراشه	*C. saadi*	۲	۳۱° ۴۳' ۴/۹"	۵۴° ۶' ۲"
تفت (گاریزات)	بخ	*C. saadi*	۴	۳۱° ۲۸' ۳۱"	۵۴°۷' ۲۶"

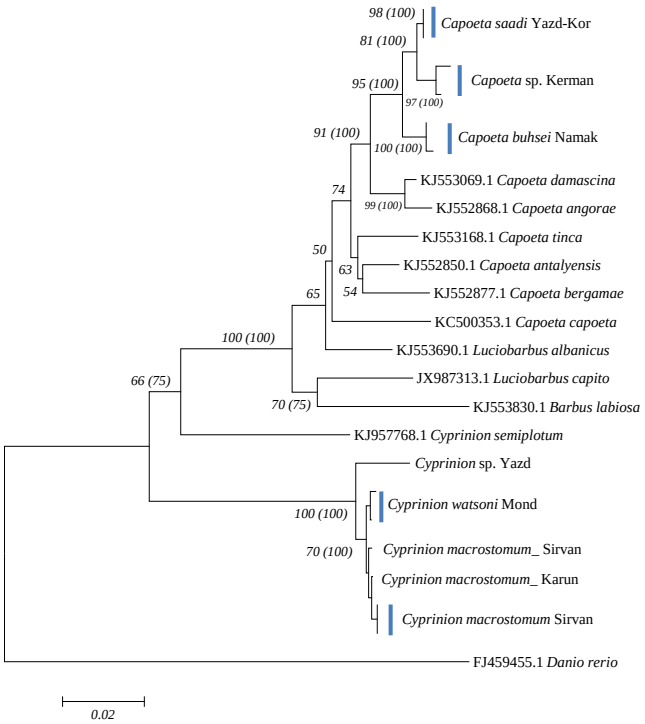
نتایـج

در مجموع در قنات های مورد بررسی در تفت و مهریز در همه موارد به استثنای یک قنات، گونه‌های جنس *Capoeta* مشاهده شدند. در تنها مورد متفاوت گونه مشاهده شده از جنس *Cyprinion* بود. در این مطالعه یک قطعه از انتهای '5 ژن *COI* به طول ۷۸۸ جفت باز به دست آمد. در قنات های مورد مطالعه در یزد تنها یک هاپلوتایپ برای هر کدام از جنس های *Capoeta* و *Cyprinion* مشاهده شد. در مجموع ترکیب نوکلئوتیدها در این توالی شامل ۲۸/۴ درصد تیمین، ۲۸ درصد سیتوزین، ۲۵/۸ درصد آدنین و ۱۷/۷ درصد گوانین بود.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]

گونه های جنس *Capoeta* یک گروه تک شجره ای را تشکیل دادند و جنس های دیگر مثل *Barbus* و *Luciobarbus* نسبت به آنها دارای جایگاه اجدادی بودند. گونه های *Cyprinion* هم در مقایسه با جنس های یاد شده در یک خوشه پایه ای قرار گرفتند (شکل ۱). فاصله ژنتیکی در بین هاپلوتایپ های *Cyprinion* متعلق به رودخانه های سیروان، کارون و مند بین ۰/۱۳ تا ۰/۳۸ درصد بود، اما هاپلوتایپ نمونه متعلق به یزد دارای فاصله ۱/۶۸ تا ۱/۹۴ درصد نسبت به آنها بود (جدول ۲). در بین هاپلوتایپ های جنس *Capoeta* مقدار فاصله ژنتیکی ۰/۱۳ تا ۱/۶۸ درصد بود که کمترین فاصله در بین هاپلوتایپ های گونه *Capoeta buhsei* Kessler 1877 حوضه نمک مشاهده شد (جدول ۲). هاپلوتایپ مشاهده شده در منطقه یزد با هاپلوتایپ متعلق به حوضه کر یکسان بود (شکل ۲).



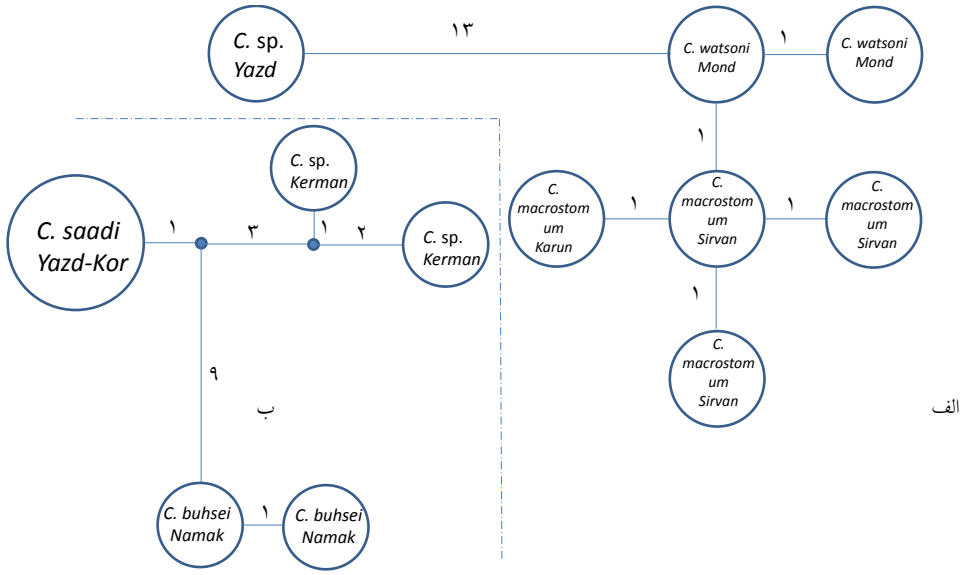
شکل ۱. دارنگاره ترسیم شده با روش الحاق همسایگی (NJ) برای توالی های ژن *COI* ماهیان مورد مطالعه و توالی های موجود در بانک ژن (NCBI). اعداد روی خطوط مقادیر ضرایب بوسترپ را نشان می دهند. اعداد داخل پرانتز مربوط به روش ماکزیمم پارسیمونی و اعداد خارج از پرانتز مربوط به روش الحاق همسایگی هستند. اعداد قابل مشاهده در کنار نام های علمی کدهای دسترسی هاپلوتایپ های مورد استفاده از بانک ژن هستند.

جدول ۲. فواصل K2P محاسبه شده با استفاده از نرم افزار MEGA6 (درصد)

شماره	گونه	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱
۱	*Cyprinion macrostomum*- Karun											
۲	*C. macrostomum*- Karun	۰/۱۳										
۳	*C. macrostomum*- Sirvan	۰/۲۵	۰/۱۳									
۴	*C. macrostomum*- Sirvan	۰/۲۵	۰/۱۳	۰/۲۵								
۵	*Cyprinion watsoni*- Mond	۰/۳۸	۰/۲۵	۰/۳۸	۰/۳۸							
۶	*C. watsoni*- Mond	۰/۲۵	۰/۱۳	۰/۲۵	۰/۲۵	۰/۱۳						
۷	*Capoeta buhsei*- Namak	۱۱/۷	۱۱/۸	۱۱/۷	۱۱/۷	۱۱/۸	۱۱/۷					
۸	*C. buhsei*- Namak	۱۱/۸	۱۲	۱۱/۸	۱۱/۸	۱۲	۱۱/۸	۰/۱۳				
۹	*Capoeta saadi*-Yazd	۱۱/۳	۱۱/۵	۱۱/۳	۱۱/۳	۱۱/۵	۱۱/۳	۱/۰۲	۱/۱۵			
۱۰	*Cyprinion* sp.-Yazd	۱/۹۴	۱/۸۱	۱/۹۴	۱/۹۴	۱/۸۱	۱/۶۸	۱۲/۸	۱۲/۹	۱۲/۴		
۱۱	*Capoeta* sp.-Kerman	۱۱/۵	۱۱/۶	۱۱/۵	۱۱/۵	۱۱/۶	۱۱/۵	۱/۵۴	۱/۶۸	۰/۷۷	۱۲/۶	
۱۲	*Capoeta* sp.-Kerman	۱۱/۳	۱۱/۵	۱۱/۳	۱۱/۳	۱۱/۵	۱۱/۳	۱/۴۱	۱/۵۴	۰/۶۴	۱۲/۱	۰/۳۸

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]



شکل ۲. شبکه هاپلوتایپی ماهیان قنات های مهریز و تفت یزد. الف: ماهیان جنس *Cyprinion* یزد در مقایسه با هاپلوتایپ های *C. macrostomum* کارون و دجله و *C. watsoni* رودخانه مند، ب: ماهیان جنس *Capoeta* یزد در مقایسه با هاپلوتایپ های متعلق به حوضه های نمک، کرمان و کر. هر کدام از دایره های سفید نشان دهنده یک هاپلوتایپ و دایره های کوچک تیره رنگ نشان دهنده محل جدا شدن مسیرهای جهشی و اعداد موجود در کنار خطوط نشان دهنده تعداد گامهای جهش در بین هاپلوتایپ ها است. خط چین ها مرز دو شکل را مشخص می کنند.

بحث

در بررسی های شجره شناسی ماهیان *Capoeta* یزد و حوضه کر در یک خوشه قرار گرفتند (شکل ۱). هاپلوتایپ های کرمان خوشه خواهری آنها و هاپلوتایپ های حوضه نمک نسبت به آنها یک خوشه اجدادی ایجاد کرد. سایر گونه هایی که از بانک ژن مورد استفاده قرار گرفتند نیز نسبت به نمونه های مورد مطالعه دارای حالت اجدادی بودند و در مجموع گونه های این جنس یک گروه تک شجره ای را تشکیل دادند (شکل ۱) که با نتایج مشاهده شده توسط Levin و همکاران (۲۰۱۲) مطابقت دارد. گونه های جنس *Luciobarbus* و *Barbus* نسبت به جنس *Capoeta* دارای وضعیت اجدادی هستند و در خوشه های پایه ای قرار گرفتند که این مورد نیز با گزارش‌های عنوان شده در منابعی مثل Levin و همکاران (۲۰۱۲)، Grillo و Venora (۲۰۱۱)، Wang و همکاران (۲۰۱۳) همخوانی دارد. در مورد جنس *Cyprinion* مشاهده شد که این جنس نسبت به جنس‌های *Capoeta*، *Luciobarbus* و *Barbus* دارای حالت اجدادی است (شکل ۱). برای توجیه این مشاهده می توان به بررسی وضعیت پلوئیدی جنس‌های یاد شده پرداخت. ماهیان جنس *Capoeta* هگزا پلوئید (2n=150)، ماهیان جنس های *Luciobarbus* و *Barbus* تتراپلوئید (2n=100) و ماهیان جنس *Cyprinion* دیپلوئید (2n=50-52) هستند (Levin *et al.*, 2012). با فرض اینکه دیپلوئیدی حالت کروموزومی اجدادی بوده و حالت های پلی پلوئید از آن مشتق شده اند می توان حالت اجدادی آن را تأیید کرد.

یکی از ویژگی های ماهیان جنس *Capoeta* وجود حالت تیغ مانند غضروفی در لب پایین این ماهیان است که با استفاده از آن می توانند جلبک های سطح سنگ ها را خراشیده و از آن تغذیه کنند (Levin *et al.*, 2012). این صفت در ماهیان *Cyprinion* و تعدادی از سایر جنس های کپورماهیان هم وجود دارد (Coad, 2014). این شباهت می تواند نشان دهنده تکامل همگرای صفت یادشده در چند گروه از کپورماهیان در مراحل مختلف تکامل آنها باشد. از سوی دیگر با توجه به اینکه پژوهشگران باور دارند جنس *Capoeta* در پی فرآیند آلوپلی پلوئیدی (افزایش تعداد کروموزوم ها در پی دورگ گیری) تکامل پیدا کرده است (Levin *et al.*, 2012)، شاید بتوان این صفت را صفتی دانست که از اجداد شرکت کننده در فرآیند دورگ گیری و پیدایش اولیه آنها به ارث رسیده است.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]

گونه های جنس *Cyprinion* شامل *Cyprinion kais* Heckel 1843 در حوضه کارون و خلیج فارس، گونه *Cyprinion macrostomum* Heckel 1843 بیشتر در حوضه کارون، دجله، خلیج فارس و احتمالاً هامون جازموریان، *Cyprinion milesi* (Day 1880) در حوضه های مکران، جازموریان، مشکید و هرمز، گونه *Cyprinion tenuiradius* Heckel 1847 در حوضه های کر، مند، مهارلو و خلیج فارس و *Cyprinion watsoni* (Day 1872) در دشت لوت، هرمز، جازموریان، سیستان، مشکید و مکران گزارش شده اند (عبدلی، ۱۳۷۸; Coad, 2014). با توجه به پراکنش جغرافیایی و با فرض منطقی منشأ گرفتن این ماهی از نواحی جغرافیایی و حوضه های مجاور می توان آن را گونه *C. tenuiradius* دانست اما از نظر ریخت شناسی و به ویژه تعداد شعاع های باله پشتی این نمونه به *C. watsoni* شباهت بیشتری داشت. برای مشخص شدن جایگاه رده بندی این نمونه باید نمونه های گونه های این جنس را به ویژه از حوضه های مجاور تهیه و با آن مقایسه کرد. با مقایسه های انجام شده مشخص شد ماهیان قنات ها از گونه *Capoeta saadi* هستند که در حوضه کر وجود دارد. در همه قنات ها تنها یک هاپلوتایپ مشاهده شد که با هاپلوتایپ مشاهده شده در حوضه کر یکسان بود. این ماهیان با ماهی های کرمان در ۴-۶ جفت باز و با ماهیان حوضه نمک در ۱۰-۱۱ جفت باز از مجموع ۸۷۳ جفت باز تفاوت داشتند (شکل ۲). تفاوت آنها با هاپلوتایپ های کرمان می‌تواند نشان دهنده فاصله جغرافیایی و منشأ متفاوت ماهی های کرمان باشد. با توجه به تفاوت اندک ۰/۷۷-۰/۶۴ درصد (جدول ۲) انتظار نمی‌رود نمونه های کرمان از گونه متفاوتی باشند، زیرا در مطالعات بارکدینگ ماهیان آب شیرین مقدار میانگین تمایز درون گونه ای حدود ۰/۳ درصد بیان شده است (Hubert *et al.*, 2008; Lara *et al.*, 2010) و حدود کمینه و بیشینه تمایز درون گونه ای در مطالعات یاد شده دربرگیرنده مقادیر مشاهده شده در این مطالعه هم هست. می‌توان تمایز مشاهده شده را به فاصله جغرافیایی نیز نسبت داد. زیرا با افزایش فاصله جغرافیایی تمایز هاپلوتایپ ها هم افزایش پیدا می کند. در مورد ماهیان جنس *Cyprinion* منطقه مورد مطالعه نمی توان قضاوت خاصی نمود، زیرا نمونه های حوضه های نزدیک به منطقه مورد مطالعه به غیر از حوضه مند در اختیار نبود که بتوان مقایسه انجام داد، اما می توان عنوان نمود که هاپلوتایپ یزدی نسبت به گونه *C. macrostomum* کارون و سیروان و همچنین نسبت به نمونه هایی که در رودخانه مند به عنوان *C. watsoni* شناسایی شدند، تفاوت دارد و این تفاوت ۱/۶۸ تا ۱/۹۸ درصد است که نشان دهنده تفاوت گونه آن است. بر پایه شبکه هاپلوتایپی ترسیم شده (شکل ۲) قدیمی ترین هاپلوتایپ های مشاهده شده در این مطالعه مربوط به *C. macrostomum* در رودخانه سیروان و *C. watsoni* رودخانه مند است و سایر هاپلوتایپ ها و به ویژه هاپلوتایپ کارون از هاپلوتایپ های جدید هستند، زیرا دو هاپلوتایپ سیروان و مند در مسیر جهش قرار داشته و هاپلوتایپ های حاشیه ای از آنها منشأ گرفته اند. برپایه آنچه در شکل ۲ مشاهده می شود، هاپلوتایپ های رودخانه مند تفاوت قابل توجهی با هاپلوتایپ های رودخانه های سیروان و کارون ندارند، این امر نشان می‌دهد که نمونه های رودخانه مند نیز حداقل از نظر شجره مادری از گونه *C. macrostomum* هستند که احتمالاً از طریق حوضه دجله در زمانی که خلیج فارس تقریباً خشک بوده است (لک و نژاد افضلی، ۱۳۹۰) و همه رودخانه های حوضه آن با هم ارتباط داشته اند، به این نواحی راه یافته اند و یا برعکس از شرق به غرب و به دجله نفوذ کرده اند. در حال حاضر قدیمی ترین فسیل های *Cyprinion* در آناتولی کشف شده است (Böhme *et al.*, 2003)، با فرض این موضوع مسیر غرب- شرق قابل پذیرش است اما با توجه به منشأ شرقی کپورماهیان و *Cyprinion* و با توجه به اینکه نمونه های یزد دارای تمایز نسبتاً زیادی در مقایسه با نمونه های مند و کارون و سیروان هستند، شاید بتوان منشأ نمونه های یزد را از مسیرهایی پیگیری کرد که قدمت آنها بسیار بیشتر از قدمت خشکی خلیج فارس باشد.

تنوع هاپلوتایپی در درون و در بین قنات های مختلف منطقه مورد بررسی صفر بود. این موضوع می تواند نشان دهنده تعلق احتمالی آنها به یک جمعیت و انتقال مرحله به مرحله آنها از قناتی به قنات دیگر باشد. به این مفهوم که اولین بار از حوضه رودخانه کر تعداد محدودی ماهی به یکی از قنات ها رهاسازی شده است و پس از مدتی توسط انسان به سایر قنات های منطقه انتقال یافته اند. از سوی دیگر عدم مشاهده تنوع هاپلوتایپی می تواند نشان دهنده کوچک بودن اندازه جمعیت های ماهیان قنات باشد.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]

تشکر و قدردانی

این پژوهش با حمایت مالی معاونت پژوهشی دانشگاه شهرکرد انجام شده است. به این وسیله از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه شهرکرد تقدیر و تشکر به عمل می آید. نگارنده بر خود لازم می داند از سرکار خانم مهندس زکیه مباشری‌زاده که در تهیه نمونه ها همکاری نمودند، تقدیر و تشکر به عمل آورد.

منابـع

ابراهیمی، م. ۱۳۸۶. ماهیان قنات های حوضه آبریز مرکزی و حوضه آبریز سیرجان (استان کرمان). مجله علمی شیلات ایران. سال شانزدهم، شماره ۲، صفحات ۱۶۰-۱۵۳.

جوهری، س. ع.، مظلومی، س.، عبدلی، ا.، خواجوی، ح.، اصغری، ص. ۱۳۸۹. شناسایی و تعیین پراکندگی ماهیان قنوات و رودهای دایمی شهرستان قائنات. مجله شیلات. سال چهارم، شماره ۱، صفحات ۱۲۰-۱۱۵.

صادقی ح.، شجیعی، ه.، شرفی، ش. ۱۳۹۱. شناسایی فون و بررسی پراکنش ماهیان قنات های شهرستان شاهرود. مجله زیست شناسی جانوری. سال پنجم. شماره ۲، صفحات ۷۷-۶۳.

عبدلی، الف. ۱۳۷۸. ماهیان آبهای داخلی ایران. موزه طبیعت و حیات وحش. ۳۷۸ ص.

لک، ر.، نژاد افضلی، ک. ۱۳۹۰. بررسی تغییرات زمین ریخت شناسی (ژئومورفولوژی) و رسوب شناسی بخش های ساحلی و کم ژرفای کشور امارات در اثر ساخت جزایر مصنوعی. مجله علوم زمین. سال بیست و یکم، شماره ۸۱، صفحات ۶۸-۶۱.

مشکانی، م.، پورکاسمانی، م. ا. ۱۳۸۲. شناسایی ماهیان قنات های بخش مرکزی بیرجند. مجله علمی شیلات ایران. سال دوازدهم، شماره ۴، صفحات ۱۷۲-۱۶۳.

Altschul, S.F., Madden, T.L., Schäffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W., Lipman, D.J. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. Nucleic Acids Research. 25: 3389-3402.

Böhme, M., Reichenbacher, B., Schulz-Mirbach, T., München, L. 2003. Neogene freshwater fishes from Anatolia – a key for understanding the (palaeo-) biogeography of European freshwater fishes. Paper presented at the International Symposium of Fisheries and Zoology, Istanbul.

Clement, M., Posada, D.C.K.A., Crandall, K.A. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. Molecular Ecology. 9(10): 1657-1659.

Coad, B.W. 2014. Freshwater Fishes of Iran. Available at: www.briancoad.com.

Estoup, A., Largiader, C., Perrot, E., Chourrout, D. 1996. Rapid one-tube DNA extraction for reliable PCR detection of fish polymorphic markers and transgenes. Molecular Marine Biology and Biotechnology. 5: 295-298.

Grillo, O., Venora, G. 2011. Changing diversity in changing environment. 1st edition. InTech. 402 p.

Hallerman, E.M. 2003. Population genetics: principles and applications for fisheries scientists. 1st edition. American Fisheries Society Publications. 475 p.

Hashemzadeh Segherloo, I., Bernatchez, L., Golzarianpour, K., Abdoli, A., Primmer, C.R., Bakhtiary, M. 2012. Geneticd differentiation between two sympatric morphs of the blind Iran cave barb *Iranocypris typhlops*. Fish Biology. 81(5): 1747-1753.

Hebert, P.D., Ratnasingham, S., Waard, J.R. 2003. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proceedings of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences. 270: S96-S99.

Hubert, N., Hanner, R., Holm, E., Mandrak, N.E., Taylor, E., Burridge, M., Watkinson, D., Curry, A., Bentzen, P., Jhang, J., April, J., Bernatchez, L. 2008. Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. PLoS ONE, 3(6): e2490.

Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution. 16: 111-120.

Lara, A., Rodríguez, R., Casane, D., CÔTÉ, G., Bernatchez, L., García-Machado, E.R.I.K. 2010. DNA barcoding of Cuban freshwater fishes: evidence for cryptic species and taxonomic conflicts. Molecular Ecology Resources. 10(3): 421-430.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]

Levin, B.A., Freyhof, J., Lajbner, Z., Perea, S., Abdoli, A., Gaffaroğlu, M., Özuluğ, M., Rubenyan, H.R., Salnikov, V.B., Doadrio, I. 2012. Phylogenetic relationships of the algae scraping cyprinid genus *Capoeta* (Teleostei: Cyprinidae). Molecular Phylogenetics and Evolution. 62: 542-549.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Molecular Biology and Evolution. 30(12): 2725-2729.

Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., Higgins, D.G. 1997. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acids Research. 25: 4876-4882.

Wang, J., Wu, X.Y., Chen, Z., Yue, Z.P., Ma, W., Chen, S.Y., Xiao, H., Murphy, R.W., Zhang, Y.P., Zan, R.G., Luo, J. 2013. Molecular phylogeny of European and African Barbus and their West Asian relatives in the Cyprininae (Teleostei: Cypriniformes) and orogenesis of the Qinghai-Tibetan Plateau. Chinese Science Bulletin. 58(31): 3738-3746.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1394.5.1.14.5]