دانشگاه گنبد کاووس
نشریه "پژوهش‌های ماهی‌شناسی کاربردی"
دوره اول، شماره دوم، تابستان ۹۲
http://jair.gonbad.ac.ir

مقایسه ژنتیکی سگ ماهی جویباری (*Oxynoemacheilus argyrogramma* (Heckel, 1847) در دو رودخانه سپیدبرگ و گاماسیاب کرمانشاه با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

کتایون اصغری[۱]، محمد هرسیج[۲] و *حامد کلنگی میاندره[۳]
[۱]دانشجوی کارشناسی‌ارشد گروه شیلات، دانشگاه گنبد کاووس، [۲]استادیارگروه شیلات، دانشگاه گنبد کاووس
[۳]استادیارگروه شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان
تاریخ ارسال: ۹۲/۲/۱۹ ؛ تاریخ پذیرش: ۹۲/۴/۸

چکیده

سگ ماهی جویباری *O. argyrogramma* یکی از گونه‌های جنس Oxynoemacheilus بوده و پراکندگی آن مربوط به آبهای شیرین ایران و عراق است. در این مطالعه، ساختار ژنتیکی و تنوع ژنتیکی ۱۰۰ عدد ماهی *O. argyrogramma* در حوضه دو رودخانه سپیدبرگ و گاماسیاب با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره بررسی شد. نتایج مطالعه سه جایگاه ریزماهواره در جمعیت این دو منطقه نشان داد که میانگین تعداد الل ۱۳ می‌باشد که از دامنه گزارش شده برای ماهیان آب شیرین بالاتر است. میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به‌ترتیب ۰/۶۵۲ و ۰/۸۷۶ به‌دست آمد. تقریبا اکثر جایگاه‌های ژنی انحراف از تعادل‌هاردی – واینبرگ را نشان دادند. فاصله و شباهت ژنتیکی بین دو منطقه به‌ترتیب ۰/۳۴۶ و ۰/۷۰۷ بود. بر اساس آنالیزهای موجود به نظر می‌رسد که گونه *O. argyrogramma* دارای تنوع ژنتیکی مطلوبی در مناطق مورد بررسی است.

واژه‌های کلیدی: ***O. argyrogramma*، تنوع ژنتیکی، ریزماهواره، رودخانه سپیدبرگ، رودخانه گاماسیاب**

*مسئول مکاتبه: hkolangi@gau.ac.ir

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]

مقدمه

در میان ماهیان آب‌های داخلی ایران، خانواده کپور ماهیان با ۸۱ گونه و ۴۸ درصد فراوانی، فون غالب و خانواده سگ ماهی جویباری با ۲۳ گونه و ۱۱ درصد فراوانی رتبه دوم فون ماهیان را به خود اختصاص داده‌اند (Coad, 2012). از لحاظ زیستگاهی، سگ ماهیان، قسمت‌های فوقانی و میانی رودخانه‌های با بستر سنگلاخی و قلوه سنگی (آب‌های سرد و غنی از اکسیژن) را برای زیستن ترجیح داده، در هنگام روز در زیر سنگ‌ها مخفی می‌شوند و گونه‌هایی شب فعال هستند (Cihar, 1976؛ Abdoli, 1998). *O. argyrogramma* از خانواده Nemacheilidae است. پراکندگی آن در ایران مربوط به غرب (استان‌های کرمانشاه و کردستان) می باشد.

یکی از مشکلات امروز ذخایر آبزیان در دنیا، کاهش تنوع ژنتیکی است که بر اثر فعالیت‌های متعدد بشر، اعم از ایجاد آلودگی‌ها، صید بی رویه، تخریب زیستگاه، مسدود کردن مسیر مهاجرت اتفاق می‌افتد (Ferguson *et al.,* 1995؛ Zhao *et al.,* 2005). تنوع ژنتیکی، قابلیت بقای یک گونه و یا جمعیت را از طریق ایجاد توانایی سازگاری با تغییرات محیطی فراهم می‌کند. بنابراین، تنوع ژنتیکی برای بقای طولانی مدت یک گونه ضروری است (Bataillon *et al.,* 1996). نشانگرهای مولکولی به‌طور مستقیم قادرند پراکندگی و تنوع ژنتیکی را تشخیص دهند (Ferguson *et al.,* 1995). تنوع ژنتیکی از تفاوت در توالی نوکلئوتیدهای DNA در میان افراد حاصل می شود (Utter, 1991). به‌طورکلی مدیریت تنوع ژنتیکی در موجودات، نیازمند ارزیابی ساختار ژنتیکی و تفکیک ذخایر گونه مورد نظر است (Pujolar *et al.,* 2009). امروزه، نشانگرهای ریزماهواره در مطالعات ژنتیک جمعیت به‌دلیل ویژگی‌های منحصر به‌فردی نظیر: پلی مورفیسم بالا، گستردگی بالا در ژنوم و جهش بالا، کاربرد فراوانی دارند (Sun *et al.,* 2009). نشانگرهای ریز ماهواره برای درک ساختار ژنتیک جمعیت، تنوع ژنتیکی و تاریخچه گونه هدف مفید بوده، برای تعدادی از گونه‌های خانواده لوچ ماهیان به‌طور اختصاصی شناسایی شده‌اند (Taylor *et al.,* 2001؛ Bang *et al.,* 2009). در حال حاضر هیچ نشانگر ریزماهواره اختصاصی برای ماهی *O. argyrogramma* گزارش نشده‌است. هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی ماهی *O. argyrogramma* در دو رودخانه سپیدبرگ و گاماسیاب با استفاده از جایگاه ریزماهواره بود.

مواد و روش‌ها

نمونه برداری و استخراج DNA: در کل، تعداد ۱۰۰ نمونه از دو رودخانه سپید برگ و گاماسیاب استان کرمانشاه از میان‌دست و پایین‌دست رودخانه جمع‌آوری شد. فاصله بین دو رودخانه در حدود ۱۰۰ کیلومتر است. کل DNA ژنومی از بافت باله سینه‌ای و شکمی با استفاده از پروتئیناز K و روش فنول-کلروفورم استخراج شد (Hillis *et al.,* 1996). کمیت و کیفیت DNA به‌ترتیب با استفاده از روش

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]

اسپکتوفتومتری و ژل آگاروز یک درصد ارزیابی گردید. DNA استخراجی در دمای ۲۰- تا زمان استفاده نگهداری شد.

آنالیز مولکولی: در این مطالعه برای بررسی تنوع ژنتیکی، از سه جایگاه ریزماهواره Bbar5، Bbar8، Bbar9 (Taylor *et al.,* 2001) استفاده شد (جدول ۱). هر واکنش زنجیره پلی مراز در حجم ۲۵ میکرولیتر با ۰/۲ میلی‌مولار کلرید منیزیم، ۰/۲ میکرومولار نوکلئوتید، ۰/۲ مکیرولیتر از هر پرایمر، ۱ واحد بین‌المللی DNA پلیمراز (*Taq* DNA polymerase)، بافر 1X PCR، ۱۰۰ نانوگرم DNA و آب مقطر انجام گرفت. سیکل دمایی برای هر جایگاه عبارت بود از: ۳ دقیقه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، در ادامه ۳۵ چرخه شامل ۹۴ درجه برای ۳۰ ثانیه، درجه حرارت اتصال ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه برای ۱ دقیقه، با یک بسط نهایی ۷۲ درجه برای ۳ دقیقه. محصول زنجیره پلی مراز بر روی ژل اکریل آمید ۸ درصد (غیریونیزه شده) جداسازی و به‌وسیله روش نیترات نقره رنگ آمیزی شد (Bassam *et al.,* 1991).

جدول ۱- خصوصیات جایگاه ژنی مورد استفاده در این تحقیق

جایگاه ژنی	وزن (جفت باز)	تعدادالل	پرایمر	دمای‌اتصال
Bbar5	۸۴ – ۱۲۰	۱۲	F: ATAATCACAGCCCCGCAGAG R: GGGTGGTGGAATATATTGGAAA	۵۵
Bbar8	۳۶۰ - ۴۹۲	۱۴	F: GAGCAACAGCTGCTGTAGGA R: GTCGGACCAACCTGAAAACT	۵۰
Bbar9	۱۷۶ - ۲۴۸	۱۲	F: NED-AATACGAAACTACTTGGTAATGGC R: GTGAAAAGGTCCAGTTAAAAGC	۴۸

آنالیز آماری: تعداد الل در هر جایگاه ژنی، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He)، تعداد الل‌های مشاهده شده (Na)، تعداد الل موثر (Ne)، تعادل هاردی- واینبرگ، مقادیر Fst و جریان ژنی با استفاده از نرم افزار Genealex ver.6.5 (Peakall and Smouse, 2012) محاسبه شد. به‌منظور تعیین فاصله و شباهت ژنتیکی (Nei, 1978) و رابطه فیلوژنیک جمعیت‌ها از نرم افزار PopGene ver 1.31 استفاده شد (Yeh *et al.*, 1999). وجود الل نول با استفاده از نرم افزار MICROCHECKER بررسی گردید.

نتایج

در این مطالعه از سه جایگاه ژنی ریزماهواره استفاده شد. در مجموع تعداد ۷۶ الل برای هر دو منطقه به‌دست آمد که در دامنه bp ۴۹۲–۸۴ بودند. متوسط الل مشاهده شده (Na) در رودخانه‌های سپیدبرگ و گاماسیاب به‌ترتیب ۱۴و ۱۲ به‌دست آمد. کمترین و بیشترین الل مشاهده شده به‌ترتیب ۱۱ و ۱۶ برای دو جایگاه Bbar9 و Bbar8 به‌ترتیب در رودخانه‌های گاماسیاب و سپیدبرگ مشاهده شد. میزان الل

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]

مشاهده شده (Na)، الل مورد انتظار (Ne)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (HO)، مورد انتظار (He) و شاخص درون آمیزی در جدول ۲ نشان داده شده است. متوسط هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به‌ترتیب ۰/۶۵۲ و ۰/۸۷۶ به‌دست آمد. نتایج مربوط به بررسی تعادل‌هاردی- واینبرگ باز تست موجود ۴ تست انحراف از تعادل را نشان دادند (جدول ۲). بر اساس آنالیز با استفاده از نرم‌افزار MICROCHECKER وجود الل نول را در جایگاه Bbar5 نشان داد. متوسط جریان ژنی (Nm) در بین مناطق ۱۳/۸۷۲ به‌دست آمد. کمترین و بیشترین میزان آن به‌ترتیب برای جایگاه‌های Bbar9 (۸/۱۵۵) و Bbar8 (۲۰/۷۰۷) محاسبه شد. بر اساس نتایج آنالیز واریانس مولکولی و شاخص Fst در سطح ۹۹ درصد نشان داد که تنوع ژنتیکی بالایی (۹۸ درصد) در درون مناطق و تنوع پایینی (۲ درصد) در بین مناطق وجود دارد. میزان شباهت و فاصله ژنتیکی نیز بر اساس شاخص ژنی به‌ترتیب ۰/۳۴۶ و ۰/۷۰۷ به‌دست آمد و بر اساس شاخص فاصله ژنتیکی، دندروگرام UPGMA نشان داد که این دو منطقه در دو شاخه مجزا قرار دارند.

جدول۲- تنوع ژنتیکی جایگاه‌های ژنی مورد استفاده در دو جمعیت *O. argyrogramma* در رودخانه‌های سپیدبرگ و گاماسیاب.

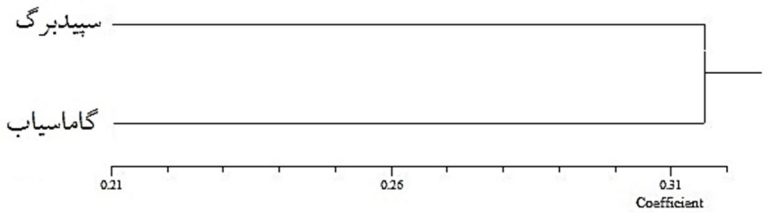
		Bbar9	Bbar9	Bbar9
رودخانه سپید برگ	N_a	۱۲	۱۶	۱۳
	N_e	۷/۶۸۳	۹/۷۷۸	۷/۴۴۶
	H_o	۰/۸۷۰	۰/۸۹۸	۰/۸۶۶
	H_e	۰/۸۷۰	۰/۸۹۸	۰/۸۶۶
	F_{IS}	۰/۲۶۸	۰/۵۴۴	۰/۰۰۲
	pHw	**	***	ns
رودخانه پرین	N_a	۱۲	۱۲	۱۱
	N_e	۹/۵۸۴	۶/۹۶۴	۷/۶۸۳
	H_o	۰/۳۰۴	۰/۶۰۹	۰/۸۲۶
	H_e	۰/۸۹۶	۰/۸۵۶	۰/۸۷۰
	F_{IS}	۰/۱۸۸	۰/۴۱۶	۰/۱۱۲
	pHw	ns	***	**

N_a: تعداد الل، N_e: تعداد الل موثر، H_O: هتروزیگوسیتی مشاهده شده، H_e: هتروزیگوسیتی مورد انتظار، F_{IS}: ضریب درون آمیزی، pHw: تست احتمال‌هاردی- واینبرگ (ns: عدم معنی‌داری، $P\leq۰/۰۵$*، $P\leq۰/۰۱$**، $P\leq۰/۰۰۱$***).

جدول ۳- میزان جریان ژنی (Nm) و تمایز (F_{st}) در سطح سه جایگاه ژنی مورد استفاده

جایگاه ژنی	Bbar5	Bbar8	Bbar9	میانگین
Nm	۱۲/۷۵۴	۲۰/۷۰۷	۸/۱۵۵	۱۳/۸۷۲
F_{st}	۰/۰۱۹	۰/۰۱۲	۰/۰۱۶	۰/۰۳

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]



شکل ۴- مقایسه فاصله ژنتیکی دو جمعیت *O. argyrogramma* در رودخانه‌های سپیدبرگ و گاماسیاب بر اساس دندروگرام UPGMA.

بحث

تنوع ژنتیکی برای فرآیندهای تکاملی محیط زیست و اکولوژیکی در محدوده عملکرد اکوسیستم‌ها بسیار مهم و حیاتی است (Rezvani Gilkolaei *et al.,* 2012). هتروزیگوسیتی، یک شاخص تکاملی مهم در تعیین پویایی و بقای جمعیت‌هااست (Reed, 2009). در این مطالعه، تعداد الل و هترزیگوسیتی مشاهده شده (Na=۱۳، Ho=۰/۶۵۲) از میانگین گزارش شده برای ماهیان آب شیرین (Na=۷/۵، Ho=۰/۴۶) بالاتر بود (Dewoody and Avise, 2000). اطلاعات به‌دست آمده با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره نشان می‌دهد که تنوع ژنتیکی بالایی در درون جمعیت‌های مورد بررسی و تنوع پایینی در بین جمعیت‌های مورد بررسی وجود دارد. با این حال، هتروزیگوسیتی مشاهده شده پایین نشان‌دهنده وضعیت ساختار ژنتیکی جمعیت *O. argyrogramma* در میان دست و پایین دست دو رودخانه سپیدبرگ و گاماسیاب است (اثر Wahlund's). هر دو منطقه انحراف از تعادل‌هاردی-واینبرگ را نشان دادند. با توجه به اینکه تعادل‌هاردی- واینبرگ بر اساس جفت‌گیری تصادفی در یک جمعیت است، انتظار انحراف از تعادل هاردی – واینبرگ در جمعیت‌های وحشی وجود دارد (Dixon *et al.,* 2008). جمعیت‌های طبیعی زیادی از ماهیان انحراف از تعادل هاردی–واینبرگ را نشان داده‌اند (Castric *et al.,* 2002؛ Yue *et al.,* 2004؛ Lucentini *et al.,* 2006؛ Bang et *al.,* 2009). بر اساس آنالیزهای مربوطه و با استفاده از نرم‌افزار MICROCHECKER ، وجود الل نول در هر دو منطقه نشان داده شد. کسر هتروزیگوسیتی ممکن است در جمعیت‌های طبیعی از طریق همخونی، نمونه‌برداری غیر تصادفی، ساختار درون جمعیتی (Castric *et al.,* 2002)، رانش ژنتیکی، الل نول (Angel *et al.*, 2006)، فشار ماهی‌گیری(Bergh and Getz, 1989) و یا ترکیبی از عوامل فوق به وقوع پیوندد. در این رودخانه‌ها شاید ترکیبی از عوامل فوق دلیل کسر هتروزیگوسیتی و انحراف از تعادل‌هاردی واینبرگ باشد. آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) معیاری مناسب برای بررسی ساختار جمعیت، تعیین میزان تمایز و شباهت ژنتیکی بین جمعیتها است (Grassi *et al.,* 2004). بر اساس شاخص Fst، تنوع ژنتیکی بین این دو منطقه ۲ درصد محاسبه شد. میانگین Fst نیز حدود ۰/۰۲ به‌دست آمد. این موضوع، تمایز بسیار پایین این مناطق را نشان می‌دهد. بر اساس معیار

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]

رایت (Wright, 1987)، میزان Fst کمتر از ۰/۰۵ نشان‌دهنده تمایز پایین بین جمعیت‌ها است. در این آزمایش، میانگین جریان ژنی (Nm) بین دو منطقه ۱۳/۸۷۲ گزارش شد. براساس گزارش Li و همکاران (۲۰۰۷) هرگاه Nm>1 باشد، جریان ژنی عامل اصلی در تمایز ژنتیکی بوده و هرگاه Nm<1 باشد، رانش ژنی عامل اصلی تمایز ژنتیکی است. از این رو، نتایج نشان می‌دهد که جریان ژنی عامل اصلی ایجاد تمایز ژنتیکی بین این دو منطقه می‌باشد. الگوی ساختار ژنتیکی گونه *O. argyrogramma* در این دو رودخانه به احتمال زیاد به‌دلیل جریان ژنی در طول تاریخ شکل گرفته است. بیولوژی رفتار تولید مثلی و تغذیه نیز بر ساختار ژنتیکی ماهیان تاثیر گذار است (Abbas *et al.,* 2010). ماهیان بالغ در زمان تولید مثل مهاجرت چندان زیادی ندارند و در حوالی محل زندگی خود اقدام به تخم‌ریزی می‌کنند. بچه ماهیان در بین سنگها و علف‌های حاشیه رودخانه زندگی می‌کنند. ماهی پس از تخم‌ریزی هیچ‌گونه مراقبت والدینی از تخم‌ها نمی‌کند. این گونه در مسیر جریان آب در بین و زیر سنگ‌ها تخم‌ریزی می‌کند. سرعت جریان بالای آب و رسوبات به تخم آبزیان خسارت جدی وارد می‌کند (Wei *et al.,* 1997). هتروزیگوسیتی پایین با توجه به کاهش اندازه جمعیت و افزایش ضریب همخونی ویژگی چنین جمعیت‌هایی است (Abbas *et al.,* 2010). بر اساس آنالیزهای موجود به نظر می‌رسد، گونه *O. argyrogramma* دارای تنوع ژنتیکی مطلوبی در مناطق مورد بررسی است و با توجه به اهمیت اکولوژیک این گونه در پالایش رودخانه‌ها حفظ تنوع ژنتیکی آن در مناطق مورد بررسی، لازم و ضروری می‌نماید. رودخانه‌های مورد بررسی از نظر میزان جریان آبی، حوضه آبی، ارتفاع از سطح دریا، شرایط بستر رودخانه و شرایط فیزیکی و شیمیایی خاک حوضه رودخانه کاملاً متفاوت هستند. با توجه به این نتایج، نشان داده شده که جدایی جغرافیایی و تفاوت‌های موجود در شرایط زیست محیطی موجود در این مناطق، منجر به ایجاد وجود تنوع ژنتیکی در بین و درون مناطق مورد بررسی شده است.

منابع

Abdoli A. 1998. Freshwater fishes of Iran. Museum of Nature and Wildlife Iran. 378 pp.

Abbas Kh., Zhou X., Li Y., Gao Z., Wang W. 2010. Microsatellite diversity and population genetic structure of yellowcheek, *Elopichthys bambusa* (Cyprinidae) in the Yangtze River. J.bse. 38, 806-812.

Angel P., Mercedes G., Philippe L., Concepcion M., Jose A. 2006. Effects of fishing protection on the genetic structure of fish populations. Biol. Conserv. 129, 244–255.

Bang I., Kim W.J. Rolee I. 2009. Characterization of polymorphic microsatellite loci in the endangered Miho spine loach (*Iksookimia choii*) and cross-species amplification within the Cobitidae family. Mol. Ecol. Res. 9, 281-284.

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]

Bassam B.J., Caetano-Anolles G. Gresshoff G.M. 1991. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Annu. Rev. Biochem. 84, 680-683.

Bataillon T.M., David J.L., Schoen D.J. 1996. Neutral genetic markers and conservation: simulated Germplasm collections. Genet. 144, 409-417.

Bergh M.O., Getz W.M. 1989. Stability and harvesting of competing populations with genetic variation in life history strategy. Genet. 113, 939–965.

Castric V., Bernatchez L., Belkhir K., Bonhomme F. 2002. Heterozygote deficiencies in small lacustrine populations of brook charr Salvelinus Fontinalis Mitchill (Pisces, Salmonidae): a test of alternative hypotheses. Heredity, 89, 27–35.

Cihar J. 1976. A color guide to familiar freshwater fishes. Octopus Books limited London. 165pp.

Coad B.W. 2012. Fereshwater fishes of Iran. www.briancoad.com

Dewoody J.A., Avise J.C. 2000. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. Fish biology 56: 461-473.

Dixon T.J., Coman G.J., Arnold S.J., Sellars M.J., Lyons R.E., Dierens D., Preston N.P. Li Y. 2008. Shifts in genetic diversity during domestication of Black Tiger shrimp, *Penaeus monodon*, monitored using two multiplexed microsatellite systems. J. Aquaculture. 283, 1-6.

Ferguson A., Taggart J.B., Prodohl P.A., McMeel O., Thompson C., Stone C., McGinnity P. Hynes R.A. 1995. The application of molecular markers to the study and conservation of fish populations, with special reference to Salmo. J. Fish. Bio. 47, 103-126.

Grassi F., Imazio S., Gomarasca S., Citterio S., Aina R., Sgorbati S., Sala F., Patrignani G. Labra M. 2004. Population structure and genetic variation within *Valeriana wallrothii* Kreyer in relation to different ecological locations. J. PlantSci. 166, 1437-1441.

Hillis D.M., Mortiz C. Mable B.K. 1996. Molecular systematic. Signature associated.

Lucentini L., Palomba A., Lancioni H., Gigliarelli L., Natali M., Panara, F. 2006. Microsatellite polymorphism in Italian populations of northern pike (*Esox lucius*). Fish. Res. 80, 251-262.

Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals. Genet. 89, 583-590.

Peakall R., Smouse P.E. 2012. GenAlex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. Bioinformatics In press.

Pujolar J.M., Deleo G.A., Ciccotti E., Zane L. 2009 Genetic composition of Atlantic and Mediterranean recruits of European eel *Anguilla anguilla* based on EST-linked microsatellite loci. J. Fish. Bio. 74, 2034-2046.

Reed D.H. 2009. When It Comes to Inbreeding: Slower Is Better. Mol. Ecol. 18, 4521–4522.

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]

Rezvani Gilkolaei S., Kavan S.L., Safari R. 2012. A Study of Genetic Structure of *Rutilus frisii kutum* in Anzali Lagoon, Using Microsatellite Markers. J. Agr. Sci. Tech.14: 327-337.

Sun Y.F., Sun H.Y., Zhao Y., Qian G.H., Zhao Y., Zhao Q., Liu N.F. 2009. Isolation and characterization of microsatellite loci in the freshwater crab Sinopotamon yangtsekiense and cross-species amplification in related taxa (Decapoda: Brachyura). J. Crustacean Biol. 29, 273–274.

Taylor M., Blust R., Verheyen E. 2001. Characterization of microsatellite loci in the stone loach, *Barbatula barbatula* L. Mol. Eco. Not. 1, 96-97

Utter F.M. 1991. Biochemical genetics and fishery management: an historical perspective. J. Fish. Bio. 39, 1-20.

Van Oosterhout C., Hutchinson W.F., Wills D.P.M., Shipley P. 2004. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. Mol. Ecol. Notes 4, 535–538.

Wei Q., Ke F., Zhang J., Zhuang P., Luo J., Zhou R. 1997. Biology, fisheries and conservation of sturgeons and paddlefish in China. Environ. Biol. Fishes 48, 241–255.

Wright S. 1987. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4: variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago.

Yeh F.C., Yang R.C. Boyle T. 1999. POPGENE version 1.3.1. Microsoft Window-bases Freeware for population Genetic Analysis. Retrieved from http://www.uallberta.ca/fyeh. On: 11 September 2008.

Yue G.H., Li Y., Lim L.C., Orban L. 2004. Monitoring the genetic diversity of three Asian arowana (*Scleropages formosus*) captive stocks using AFLP and microsatellites. J. Aquaculture 237, 89–102.

Zhao N., Shao Z., Ai W., Zhu B., Brosse S., Chang, J. 2005. Microsatellite assessment of Chinese sturgeon (*Acipenser sinensis Gray*) genetic variability. J. Ichthyology. 21, 7-13.

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-02-20]