



شناسایی ماهی آزاد دریای خزر (*Salmo caspius* (Kessler, 1877) و قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) (Walbaum, 1792) با استخراج DNA از آب (eDNA)

سیده سارا جعفری‌کناری^۱، رسول قربانی^{۲*}، حمیدرضا رضایی^۳، رحمت‌اله ندافی^۴، حدیثه کشیری^۵، فرانسوا پومپنون^۶

^۱ دانشجوی دکتری، گروه تولید و بهره‌برداری آبزیان، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

^۲ دانشیار، گروه تولید و بهره‌برداری آبزیان، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

^۳ استاد، گروه محیط زیست دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

^۴ عضو هیات علمی دانشگاه کشاورزی ایسلا، سوئد

^۵ دانشیار، گروه تولید و بهره‌برداری آبزیان دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

^۶ استاد دانشگاه گرنوبل فرانسه

چکیده

اثبات وجود گونه در مناطق مختلف می‌تواند برای مطالعه ردیابی الگوی مهاجرتی گونه مفید باشد. استفاده از روش‌های غیرتهاجمی مانند eDNA می‌تواند در ردیابی و پراکنش و بهبود مدیریت منابع آبی و گونه‌ها تأثیر به‌سزایی داشته باشد. در این مطالعه ۱۵ نمونه آب از مناطق مختلف حوضه جنوبی دریای خزر گرفته شد. برای جداسازی DNA از آب، نانوذرات مغناطیسی با پوشش سیلیس اصلاح شده با آمین استفاده شد. در این مطالعه برای اولین بار از روش مگنت‌های آمینه برای جداسازی DNA محیطی از یک نمونه آب استفاده شد. DNA سه نمونه آب از خروجی آب مرکز تکثیر و پرورش ماهی قزل‌آلا رنگین‌کمان در رودخانه تجن ساری، نمونه آب از قفس ماهیان آزاد در نوشهر و نمونه آب از اطراف قفس پرورشی ماهی آزادخزر در تنکابن به‌درستی استخراج شد و مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد نمونه شماره ۱ در کلید قزل‌آلا رنگین‌کمان و همچنین نمونه شماره ۲ و ۳ در کلید ماهی آزاد دریای خزر قرار گرفتند، که نشان‌دهنده این است که گونه‌ها به‌درستی با نانوذرات مغناطیسی سلیکانه آمینه جدا شده‌اند و حضورشان در پیکره آبی توسط DNA محیطی تثبیت شده است.

واژه‌های کلیدی:

نانوذرات مغناطیسی، DNA محیطی، اثبات گونه، حوضه جنوبی خزر

نوع مقاله:

پژوهشی اصیل

<https://doi.org/10.22034/jair.10.2.11>

تاریخچه مقاله:

دریافت: ۰۰/۰۵/۱۹

پذیرش: ۰۰/۰۶/۰۸

نویسنده مسئول مکاتبه:

رسول قربانی، دانشیار، گروه تولید و بهره‌برداری آبزیان، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران.

ایمیل: rasulghorbani@gmail.com

۱ | مقدمه

حساسیت بیشتری از روش‌های سنتی نمونه‌گیری، مانند الکتروفیشینگ یا آزمون تصویری نشان داده‌اند، به‌ویژه هنگامی که حضور گونه‌های نادر و یا کم تراکم را تعیین می‌کند.

مطالعات انجام شده نیز همبستگی مثبت بین غلظت eDNA و رابطه فراوانی تنوع موجودات زنده را نشان داده است (Goldberg *et al.*, 2013; Takahara *et al.*, 2012; Thomsen *et al.*, 2012b; Pilliod *et al.*, 2013). حتی وقتی یک جانور آبی دیده نشود، با ریختن پوست، دفع مواد زائد، آزادسازی گامت‌ها و تجزیه، آثاری از خود در آب برجای می‌گذارد. محققان می‌توانند با جمع‌آوری یک نمونه آب، DNA گونه موردنظر را تشخیص داده و مشخص کنند که این گونه اخیراً در پیکره آب بوده است یا خیر. ثابت شده است که DNA محیط ابزاری حساس، دقیق و مقرون به‌صرفه برای تشخیص گونه‌ها در محیط‌های آبی است و خصوصاً از آنجا که غیرتهاجمی است و خطری برای حیوانات آبی ندارد، بسیار جذاب است. ماهی آزاد دریای خزر، *salmo*

به‌منظور بهبود مدیریت ارزیابی ذخایر آبزیان، شناسایی ساختار مولکولی جمعیتی، مهاجرت و عوامل محیطی تأثیرگذار باتوجه به نوع گونه اهمیت دارد. هرچه دانش ما از جمعیت‌ها و تنوع درون گونه‌ای گونه‌ها بیشتر باشد، تلاش برای حفاظت از آن گونه موفقیت‌آمیزتر است (Janati *et al.*, 2013). یک روش درحال ظهور که تشخیص بسیاری از گونه‌های آبزیان را بهبود می‌بخشد تجزیه و تحلیل DNA محیطی (eDNA) است. این روش تعیین‌کننده حضور گونه‌ای براساس جمع-آوری، استخراج، و افزایش DNA از محیط زیست است (Ficetola *et al.*, 2011; Jerde *et al.*, 2011; Goldberg *et al.*, 2011; al., 2008). مطالعات اخیر انجام شده نشان داد که تشخیص eDNA می‌تواند یک روش قابل اعتماد تعیین توزیع گونه‌های مختلفی از ماهیان اکوسیستم آب شیرین و همچنین اقیانوس‌ها باشد (Jerde *et al.*, 2011; Dejean *et al.*, 2011; Minamoto *et al.*, 2012; Thomsen *et al.*, 2012a; Wilcox *et al.*, 2013).

به دلیل اهمیت نوع گونه ماهی آزاد و باتوجه به فقدان اطلاعات لازم در زمینه تأثیر عوامل اکولوژیکی بر ساختار جمعیت‌های آن در دریای خزر، در این مطالعه سعی شده با استفاده از داده‌های ژنتیکی DNA محیطی، پراکنش و تشخیص ماهی آزاد دریای خزر در سواحل جنوبی خزر (استان گلستان، مازندران و گیلان) فراهم شود. در روش DNA محیطی احتیاج به استفاده از ماهی و یا آسیب رساندن و صید آن نیست، از این رو به‌خاطر نبودن نمونه کافی از گونه موردنظر برای اولین بار در ایران از روش استخراج DNA از محیط طبیعی (eDNA) به‌منظور ردیابی نقاط پراکنش گونه در سواحل دریای خزر صورت خواهد گرفت. با این روش وجود گونه در نقاط مختلف دریای خزر بررسی خواهد شد و صحت یا عدم‌صحت مهاجرت آن بررسی خواهد شد. همچنین ردیابی و پراکنش این گونه‌ها می‌تواند در ارزیابی ذخایر گونه-ای، مدیریت منابع، آینده‌نگری و برآورد سودآوری شیلاتی گونه‌ها تأثیر به‌سزایی داشته باشد و در کاهش هزینه‌های صیادی اثرگذار باشد.

۲ | مواد و روش‌ها

ماهی آزاد دریای خزر جزء ماهیان مهاجر محسوب می‌شود. باتوجه به الگوی مهاجرتی این گونه و با درنظر گرفتن مناطق پرورشی آن و قزل-آلای رنگین‌کمان در دریای خزر، مناطقی برای نمونه‌برداری انتخاب شدند که بیشترین احتمال رد شدن ماهی از آن‌ها وجود داشته است. نمونه‌های آب در فصل تکثیر ماهی آزاد دریای خزر (فصل پاییز و زمستان) و از کل حوضه جنوبی خزر (انزلی، تنکابن، عباس‌آباد، هراز، نوشهر، فریدونکنار، بابلسر، ساری، بندرترکمن) گرفته شد. لیست کامل نمونه‌های گرفته شده به تفصیل در جدول ۱ آمده است. به‌منظور صحت بیشتر آزمایش از قفس و همچنین از مناطقی در نزدیکی قفس-های ماهی در درون دریا و نیز مراکز تکثیر نمونه‌برداری انجام شد.

(Kessler, 1877) *caspius* از باارزش‌ترین گونه‌های ایران و جهان محسوب می‌شود که در سال‌های اخیر در معرض خطر انقراض قرار گرفته است و جمعیت گونه وحشی آن در دریای خزر به‌ندرت وجود دارد و صید می‌شود. ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792)، نیز عضو مهم دیگری از این خانواده می‌باشد. این ماهی یکی از مهم‌ترین گونه ماهیان آب شیرین است که سهم بالایی در تأمین غذای انسان دارد (Sattari et al., 2003) و به‌عنوان گونه اصلی در اکثر کارگاه‌های تکثیر و پرورش ماهیان سردآبی در بیشتر نقاط جهان و ایران در آمده است. ماهی آزاد دریای خزر جزء ماهیان مهاجر این دریا بوده و برای تخم‌ریزی به رودخانه‌های حوزه دریای خزر وارد می‌شود و بعد از تخم‌ریزی به دریا باز می‌گردد. مهاجرت این ماهی جهت تخم‌ریزی به رودخانه‌ها، دو نوبت در سال صورت می‌گیرد، گروهی از ماهیان در فصل پاییز به رودخانه مهاجرت می‌کنند، دسته‌ای دیگر در فصل بهار به رودخانه‌ها مهاجرت کرده و تا زمستان (حدود ۱۱-۱۰ ماه) در رودخانه می‌مانند تا زمان تخم‌ریزی آنها فرا رسد. ماهی آزاد همانند سایر گونه‌های قزل‌آلای قهوه‌ای در مرحله پرورش در آب شیرین رشد نسبتاً کندی در مقایسه با قزل‌آلای رنگین-کمان دارد با این وجود همانند برخی دیگر از زیر گونه‌های مهاجر قزل‌آلای قهوه‌ای نظیر قزل‌آلای دریایی قابلیت رشد بسیار شگرفی در آب‌های شور و لب شور دارد. زیر گونه خزر بزرگ‌ترین فرم قزل‌آلای قهوه‌ای است. به دلیل تکثیر گسترده ماهی قزل‌آلا در بیشتر رودخانه‌های منتهی به دریای خزر، همچنین قفس‌های پرورشی مستقر در دریا، امکان فرار برخی از ماهیان و ورود به پیکره دریا وجود دارد. و امکان جابه‌جایی مانند مهاجرت در آب وجود خواهد داشت، که در این صورت در مسیر حرکتی بقایای موکوس مترشحه از سطح بدن ماهی می‌تواند در پیکره آب باقی بماند. از این رو می‌توان با این احتمال از محیط آبی استخراج DNA انجام داد، و حضور یک گونه را معین کرد.

جدول ۱- محل نمونه برداری

شماره نمونه	محل تقریبی نمونه برداری آب
۱	آب دریا از درون قفس پرورش ماهی قزل‌آلا واقع در دریا در بندرترکمن (PEN)
۲	آب مرکز تکثیر قزل‌آلا و آزاد تنکابن واقع در دوهزار
۳	آب کمی پایین تر از آب خروجی از سد شهید رجایی ساری
۴	آب کمی بعد از خروجی مرکز تکثیر و پرورش قزل‌آلا در زیر سد شهید رجایی ساری
۵	آب رودخانه از خروجی بعد از مرکز تکثیر قزل‌آلا و آزاد تنکابن واقع در دوهزار
۶	آب رودخانه منتهی به دریای خزر در منطقه عباس‌آباد- تنکابن
۷	آب دریا در محل مصب که ورودی رودخانه به دریا است در فریدونکنار
۸	آب رودخانه هراز کمی بعد از استخر پرورش ماهی واقع در رودخانه هراز
۹	آب رودخانه فریدونکنار قبل از ریختن به دریا
۱۰	آب دریا در منطقه بندر ترکمن حوالی قفس‌های پرورشی
۱۱	آب دریا در منطقه بابلسر از درون قفس پرورش ماهی قزل‌آلا و آزاد
۱۲	آب دریا در منطقه بابلسر بیرون از قفس حوالی قفس‌های پرورشی
۱۳	آب دریا در منطقه بندر انزلی نزدیک به اسکله حوالی محل ورود آب رودخانه به دریا
۱۴	آب دریا در منطقه نوشهر نزدیک به اسکله حوالی محل ورود آب رودخانه به دریا
۱۵	آب دریا در منطقه نشتارود حوالی محل ورود آب رودخانه به دریا

بدین منظور برای انجام واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) مقادیر DNA ۱ میلی‌لیتر، ۱۰ میلی‌گرم مستر میکس، پرایمرهای فوروارد و ریورس ۱ میکرولیتر، آب مقطر (DNase RNase Free) استفاده شد. همه درون تیوب ۰/۲ استریل ریخته و در دستگاه ترموسایکلر گذاشته شدند.

واکنش زنجیره ای پلی‌مراز (PCR) ژن سیتوکروم b: واکنش PCR به‌صورت زیر برای تکثیر ژن سیتوکروم b به اجرا در آمد: ابتدا برای یافتن دمای بهینه تست گرادیان دمایی گذاشته شد و دمای ۵۶ درجه سانتی‌گراد بهترین باند مشاهده شد. واسرشتگی اولیه دو رشته DNA در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳ دقیقه، سپس ۴۰ چرخه شامل واسرشتگی در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، الحاق دو رشته DNA در دمای ۵۶ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه و بسط اولیه به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و در نهایت پس از اتمام ۴۰ چرخه مرحله بسط نهایی به مدت سه دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام شد (Sambrook and Russell, 2006). پس از انجام واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، محصولات تکثیر شده بر روی ژل آگارز ۲ درصد بررسی گردید. و سپس برای انجام توالی‌یابی به روش سنگر به شرکت ژن فن آوران ارسال شدند.

تجزیه و تحلیل eDNA: به‌منظور شناسایی مولکولی توالی‌های به‌دست آمده با استفاده از BLAST با توالی‌های پایگاه داده ژن (Gen Bank) هم‌ردیف (Align) و مقایسه می‌شوند. بلاست نام یک نرم‌افزار کاربردی در علوم سلولی و مولکولی و ژنتیک است که مخفف واژگان Basic Local Alignment Search Tool یا ابزار پایه‌ای برای جستجوی برهم‌نهی‌های موضعی است. با این نرم‌افزار می‌توان توالی اسیدهای آمینه در پروتئین‌ها یا توالی نوکلئوتیدها را در DNA را با هم مقایسه کرد. این نرم‌افزار توالی‌های موجود در بانک اطلاعاتی که بیشترین شباهت را با توالی موردنظر دارد از دیگر قابلیت‌های این نرم‌افزار است. برای آنالیز و صحت سنجی از دو توالی ثبت شده قزل‌آلا و ماهی آزاد در بانک داده با شماره دسترسی LT617546.1:117-263 و MG434732.1:123-263 استفاده شد. کلیه اطلاعات به‌دست آمده در برنامه‌های نرم‌افزاری، MEGA-6 و نرم‌افزار BioEdit مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت.

۳ | نتایج

نتایج به‌دست آمده از تعداد ۱۵ نمونه آب از حوضه جنوبی دریای خزر، پس از بررسی کیفیت DNA استخراج شده و فرستاده شده برای توالی‌یابی، قطعه‌ای به طول حدود ۲۰۰ جفت باز از ژن COI با آغازگر اختصاصی طراحی شده، سه نمونه در توالی‌یابی مورد تأیید قرار گرفت. پس از بررسی این سه نمونه با ژن‌های ثبت شده در پایگاه داده ژن، از این سه نمونه، دو نمونه همپوشانی بالای ۹۵٪ با گونه ماهی آزاد دریای خزر و یک نمونه همپوشانی بالای ۹۵٪ با گونه قزل‌آلا رنگین‌کمان داشتند. در تصاویر زیر درصد هم‌پوشانی هر یک از نمونه‌ها براساس لیست بانک ژن نشان داده شده است فلش قرمز درصد‌های هم‌پوشانی با توالی الگو ما را نشان می‌دهند.

نمونه‌گیری از آب (نمونه eDNA): برای اینکار از عمق کمتر از ۱۰ سانتی‌متر بالایی سطح آب نمونه‌ها جمع‌آوری شدند. نمونه‌ها در تیوپ‌های استریل درب‌دار ذخیره و در مجاورت یخ برای انجام آزمایش‌های بعدی به فریزر ۲۰- منتقل شدند.

جداسازی DNA از آب با مگنت آمینه (Amineted magnet): برای جداسازی DNA از آب از مگنت‌های آمینه شده استفاده شد. مولکول DNA چون بار الکتریکی دارد، به سر باردار مگنت می‌چسبد. ابتدا باید pH آب کمی پایین بیاید چون این واکنش در محیط اسیدی اتفاق می‌افتد، با توجه به شور بودن آب دریا مقادیر مواد زیر محاسبه و به نمونه‌های آب اضافه شد. اسات سدیم ۵۰ مولار ($C_2H_3NaO_2$) به مقدار ۱/۶۴ گرم و $2/336$ گرم نمک NaCl یک مولار به نمونه اضافه شد. پس از رساندن PH به ۵/۵، ۱۰۰ ماکرولیتر مگنت آمینه اضافه شد. بعد از دوساعت ابتدا با مگنت‌ها را با آهن ربا قوی جمع می‌کنیم. سپس با ۱۰۰ ماکرولیتر Tris HCl ۰/۲۵ مولار $PH=6/8$ دوبار شست و شو داده شد. ۵۰ ماکرولیتر بافر شست‌وشو (Elution Buffer) اضافه شد و در دمای ۶۰-۵۵ درجه سانتی‌گراد به مدت نیم ساعت در هیتر قرار گرفته شد. در نهایت مایع شسته شده را درون میکروتیوب تمیز و استریل ریخته می‌شود و در آخر برای پایداری بیشتر ۱۰ ماکرولیتر Tris HCl نیم مولار اضافه شد. مایع باقی مانده در انتها DNA است (Ashtari et al., 2005).

جداسازی DNA با نانوپارتیکل مگنت پوشیده شده با سیلیکا (silica-coated magnetic nanoparticles): برای ساختن نانوپارتیکل سیلیکا ۱۰ ماکرولیتر اتانول ۹۹٪ را با ۱ ماکرولیتر تموس (تترا اتیل اورتو سیلیکات TEOS) را به مدت پنج دقیقه روی استیرر قرار داده سپس ۴۵ ماکرولیتر اتانول ۹۹٪ را با ۱۰ ماکرولیتر آمونیوم ۲۵٪ و ۵ ماکرولیتر هیدرازین مخلوط کرده و به مایع قبلی اضافه شد و به مدت ۴ ساعت روی استیرر چرخیدند. مایع شیری رنگ به‌دست آمده ۱۵ دقیقه سانتریفیوژ و با الکل چهار بار شست‌وشو داده شد. در ادامه لایزین فعال (Activeited Lysine) به نانوپارتیکل به‌دست آمده اضافه شد. PH را با اسید HCl به ۳ رسانده شد. در سانتریفیوژ با دور ۴۰۰۰ rpm به مدت ۱۰ دقیقه گذاشته، دوبار با آب مقطر شست‌وشو داده شد. نمونه‌ها به مراتب گفته شده در بالا آماده‌سازی شدند و با ۱۵۰ ماکرولیتر از نانوپارتیکل به‌دست آمده به نمونه آب اضافه شده و به مدت دوساعت روی شیکر (تکان‌دهنده) قرار گرفتند. سپس دوبار با Tris HCl شست و شو داده شدند. ۱۵۰ ماکرولیتر بافر اتصال‌دهنده (binding buffer) اضافه شده، به مدت ۳۰ دقیقه روی هیتر در دمای ۶۰ درجه قرار گرفتند و در انتها ۱۰ ماکرولیتر Tris HCl اضافه شد (Kang et al., 2009).

تعیین شناسه ژنتیکی و صحت سنجی DNA استخراج شده با توالی یابی ژنتیکی: به‌منظور بررسی ثبت خط شناسه ژنتیکی ماهی آزاد و دریای خزر و قزل‌آلا رنگین‌کمان، برای قطعه‌ای حدوداً ۲۵۰bp از ژن COI، که دو ماهی را از هم متمایز می‌کند، آغازگرهای اختصاصی زیر برای تکثیر طراحی و استفاده شد:

SalmoF: 5' CCAGCACCHTCTAAYATCTCAGT 3'
SalmoR: 5' AAGAAAGATGCYCCGTTRGC 3'

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
Oncorhynchus mykiss isolate O.M-04/Cytb/AJK/2016 cytochrome b (Cytb) gene, partial cds, mitoc...	Oncorhynchus...	259	259	96%	4e-65	97.99%	1136	MG434732.1
Oncorhynchus mykiss isolate O.M-03/Cytb/AJK/2016 cytochrome b (Cytb) gene, partial cds, mitoc...	Oncorhynchus...	259	259	96%	4e-65	97.99%	1136	MG434731.1
Oncorhynchus mykiss isolate O.M-02/Cytb/AJK/2016 cytochrome b (Cytb) gene, partial cds, mitoc...	Oncorhynchus...	259	259	96%	4e-65	97.99%	1136	MG434730.1
Oncorhynchus mykiss isolate O.M-01/Cytb/AJK/2016 cytochrome b (Cytb) gene, partial cds, mitoc...	Oncorhynchus...	259	259	96%	4e-65	97.99%	1136	MG434729.1
Oncorhynchus mykiss voucher NEFC_F16-293 mitochondrion, complete genome	Oncorhynchus...	259	259	96%	4e-65	97.99%	16660	MF621750.1

شکل ۱- درصد نزدیکی و همانندی نمونه ۱ با گونه قزل‌آلا رنگین‌کمان

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
Salmo trutta mitochondrial cytb gene for cytochrome b, specimen voucher T26053	Salmo trutta	171	171	97%	2e-38	86.01%	1140	LT617546.1
Salmo ciscaucasicus isolate Terek33 cytochrome b (cytb) gene, partial cds, mitochondrial	Salmo ciscauc...	171	171	97%	2e-38	86.01%	842	MG029553.1
Salmo ciscaucasicus isolate Terek32 cytochrome b (cytb) gene, partial cds, mitochondrial	Salmo ciscauc...	171	171	97%	2e-38	86.01%	842	MG029552.1
Salmo trutta caspius isolate Kura04 cytochrome b (cytb) gene, partial cds, mitochondrial	Salmo caspius	171	171	97%	2e-38	86.01%	842	MG029548.1

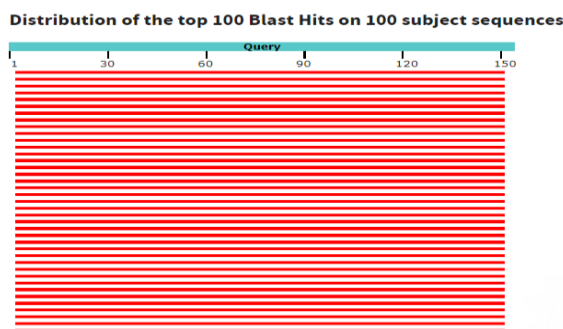
شکل ۲- درصد نزدیکی و همانندی نمونه ۲ با گونه آزاد دریای خزر

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
Salmo trutta mitochondrial cytb gene for cytochrome b, specimen voucher T26053	Salmo trutta	206	206	96%	5e-49	88.44%	1140	LT617546.1
Salmo ciscaucasicus isolate Terek33 cytochrome b (cytb) gene, partial cds, mitochondrial	Salmo ciscauc...	206	206	96%	5e-49	88.44%	842	MG029553.1
Salmo ciscaucasicus isolate Terek32 cytochrome b (cytb) gene, partial cds, mitochondrial	Salmo ciscauc...	206	206	96%	5e-49	88.44%	842	MG029552.1
Salmo trutta caspius isolate Kura04 cytochrome b (cytb) gene, partial cds, mitochondrial	Salmo caspius	206	206	96%	5e-49	88.44%	842	MG029548.1

شکل ۳- درصد نزدیکی و همانندی نمونه ۳ با گونه آزاد دریای خزر

بیشتری داشته باشد رنگ و طول خطوط قرمز بیشتر و ممتدتر می‌شود. به همین ترتیب برای هر سه نمونه آنالیز شده ما، شکل زیر به دست آمده است که نشان‌دهنده مشابهت زیاد نمونه‌های ما با نمونه‌های ثبت شده در بانک داده جهانی است. حداکثر برآورد احتمال پارامتر گامای مجزا برای نرخ مکان‌های مورد بررسی ۰/۵۳۷۸ است. الگو و نرخ جایگزینی براساس مدل (+G) Tamura-Nei (1993) برآورد شد. توزیع گاما گسسته برای مدل‌سازی تفاوت نرخ تکاملی بین مکان‌ها (۵ دسته، [+G]) استفاده شد. میانگین نرخ تکاملی در این دسته‌ها ۰/۰۳، ۰/۱۸، ۰/۱۳، ۱/۱۳، ۳/۱۸ جایگزینی در هر سایت بود. فرکانس‌های نوکلئوتیدی %G = 16.98 و %C = 32.07، %T/U = 29.21، %A = 21.74 است. برای برآورد مقادیر ML، توپولوژی درخت به‌طور خودکار محاسبه شد. حداکثر احتمال ورود به سیستم برای این محاسبه - ۳۵۰،۷۵۷ بود. تفاوت در سوگیری ترکیب پایه در هر مکان نشان داده شده است. توجه داشته باشید که حتی وقتی الگوهای جایگزینی در بین نسب‌ها یکدست باشند، فاصله ترکیب‌بندی با تعداد تفاوت بین توالی‌ها ارتباط خواهد داشت.

مقدار E-value هرچه به صفر نزدیک تر باشد اطمینان ما به نتیجه به‌دست آمده بیشتر می‌شود. نتایج BLAST براساس این دو شاخص مرتب می‌شوند و بنابراین توالی‌هایی که در لیست هستند، توالی‌هایی هستند که اطمینان در شباهت آنها به توالی الگوی مورد نظرمان بیشتر است. بنابراین نمی‌تواند مقداری دقیقاً مساوی صفر بگیرد اما می‌تواند مقدار بزرگتر از ۱۰ داشته باشد همچنین می‌تواند مقدار آن به طول توالی نیز بستگی داشته باشد مقدار E-value در شکل‌ها با آکولاد قرمز مشخص شده‌اند. تصویر زیر، خلاصه گرافیکی از BLAST توالی‌ها که از سایت NCBI گرفته شده است را نشان می‌دهد. نمای کلی از توالی‌های پایگاه داده است که با دنباله توالی تقاضا تراز شده است. این میله‌های افقی رنگ‌بندی شده با نمرو و نشان‌دهنده میزان هم‌ترازی در دنباله را نمایش می‌دهند. این خطوط رنگی موازی نشان‌دهنده کیفیت میزان تشابه توالی تقاضا با توالی‌های موجود در پایگاه اطلاعاتی گفته شده است. به عبارتی نوع رنگ، درجه تشابه را نشان می‌دهد. رنگ قرمز مؤید بیشترین درجه تشابه و رنگ مشکی حائز کمترین تشابه با توالی تقاضا است. هر مقدار توالی موردنظر با توالی‌های موجود در بانک ژن مشابهت



شکل ۴- نتیجه بلاست به‌صورت خلاصه گرافیک و تشابه کامل توالی موردنظر با ده‌ها توالی موجود در بانک ژن

جدول ۲- برآورد ترکیب بین دنباله‌ها

				P	شاخص
				۱	
				۲	
				۳	تفاوت سوگیری ترکیب بین دنباله‌ها
				<i>S. trutta</i>	
				<i>O. mykiss</i>	
				۱	
				۲	
				۳	برآورد واگرایی تکاملی بین دنباله‌ها
				<i>S. trutta</i>	
				<i>O. mykiss</i>	
				۱	
				۲	
				۳	آزمایش همگنی الگوهای جایگزینی بین توالی‌ها
				<i>S. trutta</i>	
				<i>O. mykiss</i>	
				۱	
				۲	
				۳	برآورد عدم جهت ترکیب پایه خالص بین دنباله‌ها
				<i>S. trutta</i>	
				<i>O. mykiss</i>	

۱۰۰ است، فرکانس‌های نوکلئوتیدی $\%A = 21.74$ ، $\%T/U = 29.21$ ، $\%C = 32.07$ و $\%G = 16.98$ است. برای برآورد مقادیر ML، توپولوژی درخت به‌طور خودکار محاسبه شد. حداکثر احتمال ورود به سیستم برای این محاسبه $358/343$ بود. جهت کلی انتقال/واگرایی $R = 3/498$ است. $k_1 =$ میزان احتمال جانشینی باز پورین و $k_2 =$ میزان احتمال جانشینی باز پیریمیدین است. باتوجه به جدول ۷ هر ورودی احتمال جایگزینی (r) از یک پایه (ردیف) به پایه دیگر (ستون) را نشان می‌دهد. برای سادگی، مجموع مقادیر r برابر با ۱۰۰ است. نرخ جایگزینی‌های مختلف انتقالی به‌صورت برجسته و مقادیر جایگزینی‌های عرضی به‌صورت کج نشان داده شده است. فرکانس‌های نوکلئوتیدی 22.07% (C)، 32.19% (T/U)، 28.84% (A) و 16.91% (G) است. نسبت‌های نرخ انتقال/واگرایی $k_1 = 4/445$ (پورین) و $k_2 = 7/179$ (پیریمیدین) است.

احتمال رد این فرضیه صفر که توالی‌ها با همان الگوی جایگزینی تکامل یافته‌اند، همانطور که از میزان تفاوت در سوگیری‌های ترکیب پایه بین توالی‌ها قضاوت می‌شود (آزمون شاخص اختلاف). برای برآورد مقادیر p از آزمون مونت کارلو با استفاده از فرمول زیر به کمک نرم‌افزار MEGA به‌دست آمد. $R = [A * G * k_1 + T * C * k_2] / [(A + G) * (T + C)]$ هر ورودی احتمال جایگزینی (r) از یک پایه (ردیف) به پایه دیگر (ستون) است. الگو و نرخ جایگزینی بر اساس مدل (Tamura-Nei, 1993) برآورد شد. مونت کارلو (۵۰۰ تکرار) استفاده شده است که در زیر مورب نشان داده شده است. مقادیر p کوچکتر از 0.05 مهم تلقی می‌شوند ($p = 0.032$ و $p = 0.046$) برآورد شاخص اختلاف در هر مکان برای هر جفت دنباله در بالای مورب نشان داده شده است. نرخ جایگزینی‌های مختلف انتقالی به‌صورت پررنگ و جایگزینی‌های عرضی به‌صورت کج نشان داده شده است (جدول ۳). هنگام ارزیابی آنها باید مقادیر نسبی r را در نظر گرفت. برای سادگی، مجموع مقادیر r برابر با

جدول ۳- شاخص‌های تجزیه و تحلیل نوکلئوتیدی

G	C	T/U	A	
۹/۵۱۸۰	۳/۶۷۶۷	۳/۳۴۹۵	-	A
۱/۹۴۷۴	۲۸/۹۷۲۱	-	۲/۴۹۲۷	T/U
۱/۹۴۷۴	-	۲۶/۳۹۴۱	۲/۴۹۲۷	C
-	۳/۶۷۶۷	۳/۳۴۹۵	۱۲/۱۸۳۰	G
۹/۷۱	۳/۸۹	۳/۵۵	-	A
۲/۰۶	۲۸/۰۴	-	۲/۶۴	T/U
۲/۰۶	-	۲۵/۵۴	۲/۶۴	C
-	۳/۸۹	۳/۵۵	۱۲/۴۲	G
۹/۲۷	۳/۹۷	۳/۵۵	-	A
۲/۰۸	۲۸/۴۸	-	۲/۷۲	T
۲/۰۸	-	۲۵/۵۱	۲/۷۲	C
-	۳/۹۷	۳/۵۵	۱۲/۰۹	G
۱۹/۵۲۴۹	۲/۷۳۷۵	۲/۷۳۷۵	-	A
۲/۷۳۷۵	۱۹/۵۲۴۹	-	۲/۷۳۷۵	T
۲/۷۳۷۵	-	۱۹/۵۲۴۹	۲/۷۳۷۵	C
-	۲/۷۳۷۵	۲/۷۳۷۵	۱۹/۵۲۴۹	G

حداکثر برآورد احتمال شاخص گاما برای نرخ مکان‌های مورد بررسی

برآورد حداکثر احتمال ماتریس جایگزینی

حداکثر برآورد احتمال کامپوزیت الگوی جایگزینی نوکلئوتیدها

حداکثر تخمین احتمال جهت انتقال/تغییر

همچنین D منفی نشان‌دهنده چندشکلی بیش از حد با فرکانس پایین نسبت به انتظار است، که نشان‌دهنده افزایش اندازه جمعیت است (Tajima, 1989; Kumar et al., 2018; Nei & Kumar, 2000). تاریخ تکامل درخت تبارزایی با استفاده از ماتریس تشابه نی و لی (Nei & Li, 1979) و روش UPGMA ترسیم گردید. نتیجه حاصل همان‌طور که در بالا با درصد همانندی توالی‌ها نیز نشان داده شده بود، یکی از نمونه‌ها در گروه ماهی قزل‌آلا و دو نمونه دیگر در گروه ماهی آزاد قرار گرفت. درخت مطلوب با مجموع طول شاخه = ۲۵,۲۵۰,۰۰۰,۰۰۰ نشان داده شده است. درصد درختان تکراری که گونه‌های مربوطه در آن در آزمون راه‌اندازی بوته (۱۰۰۰ تکرار) در کنار شاخه‌ها نشان داده شده است. درخت به مقیاس کشیده می‌شود، طول شاخه‌ها در واحدهای مشابه فاصله‌های تکاملی است که برای استنباط درخت فیلوژنتیک استفاده می‌شود. فواصل تکاملی با استفاده از روش تعداد تفاوت محاسبه شد و در واحد تعداد تفاوت پایه در هر دنباله است.

تخمین جهت انتقال/تغییر 3.57 (R) است. الگو و نرخ جایگزینی تحت مدل ۲ پارامتری (Kimura, 1980) برآورد شد. فرکانس‌های نوکلئوتیدی A = 25.00٪، T/U = 25.00٪، C = 25.00٪ و G = 25.00٪ است. آنالیز ترکیب نوکلئوتیدی توالی‌ها نیز به صورت زیر به دست آمده است. میزان نزدیکی مقدار ترکیب نوکلئوتیدی در دامنه داده شماره ۱ به این میزان در قزل‌آلا رنگین کمان و همچنین نزدیکی این مقدار در شماره‌های ۲ و ۳ با آزاد دریای خزر نشان‌دهنده جدا شدن درست نمونه‌ها از یکدیگر و نزدیکی و قرار گرفتن در طبقه‌بندی هریک از گونه‌ها دارد.

D Tajima's یک آماره آزمایش ژنتیک جمعیت است. D تاجیما به‌عنوان تفاوت بین دو معیار تنوع ژنتیکی محاسبه می‌شود. توجه به جدول مقدار آماره آزمون تاجیما کوچکتر از صفر است که از نظر تفسیر بیولوژیکی به معنی آل‌های کمیاب فراوان رفت و برگشت انتخابی اخیر، افزایش جمعیت پس از تنگنای اخیر، ارتباط با ژن جارو شده است.

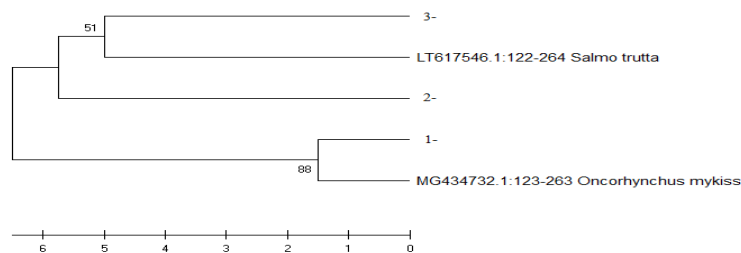
جدول ۳- ترکیب نوکلئوتیدی

دامنه داده‌ها	T(U)	C	A	G	کل
1	۳۱/۸۱۸۱۸۱۸۲	۳۱/۸۱۸۱۸۱۸	۲۰/۷۷۹۲۲۰۸	۱۵/۵۸۴۴۱۵۶	۱۵۴
2	۲۹/۴۵۲۰۵۴۷۹	۳۰/۱۳۶۹۸۶۳	۲۰/۵۴۷۹۴۵۲	۱۹/۸۶۳۰۱۳۷	۱۴۶
3	۲۹/۶۰۵۲۶۳۱۶	۳۲/۲۳۸۴۲۱	۲۱/۰۵۲۶۳۱۶	۱۷/۱۰۵۲۶۳۲	۱۵۲
<i>S. trutta</i>	۲۷/۲۷۲۲۷۲۷	۳۳/۵۶۶۴۳۳۶	۲۳/۰۷۶۹۲۳۱	۱۶/۰۸۳۹۱۶۱	۱۴۳
<i>O. mykiss</i>	۲۷/۶۵۹۵۷۴۴۷	۳۲/۶۲۴۱۱۳۵	۲۳/۴۰۴۲۵۵۳	۱۶/۳۱۲۰۵۶۷	۱۴۱
میانگین	۲۹/۲۱۱۹۵۶۵۲	۳۲/۰۶۵۲۱۷۴	۲۱/۷۳۹۱۳۰۴	۱۶/۹۸۳۶۹۵۷	۱۴۷/۲

جدول ۴- نتایج آزمایش بی‌طرفی تاجیما

D	π	Θ	p_s	S	m
-۰/۸۹۷۷۰۳	۰/۰۷۴۰۲۶	۰/۰۸۴۱۵۶	۰/۱۷۵۳۲۵	۲۷	۵

اختصارات: m = تعداد دنباله‌ها، n = تعداد کل سایتها، S = تعداد محل‌های تفکیک، $p_s = S/n$ ، $\Theta = ps/ai$ ، $\pi = \Theta$ = تنوع نوکلئوتیدی، D = آمار آزمون تاجیما



شکل ۵- دندوگرام مقایسه توالی‌های نمونه‌های مورد بررسی براساس روش Clustal W و نرم‌افزار MEGA

۴ | بحث و نتیجه‌گیری

یکی از اثرات و فرضیه‌هایی که در پرورش ماهی در قفس بر محیط دریایی محتمل است، فرار تصادفی گونه‌ها از قفس‌هاست. با توجه به بررسی مطالعات انجام شده، احتمال فرار قزل‌آلا از قفس‌های پرورشی وجود دارد که می‌تواند اثرات زیادی بر اکوسیستم منطقه و آبزیان بگذارد. در مطالعه‌های کوساک و همکاران (Cussac et al., 2014)، ورود ماهی‌های قزل‌آلا در پاتاگونیا منجر به تأثیرات چشم‌گیری بر دریاچه‌های آن و همچنین تأثیر عمده بر فراوانی هر دو جمعیت ماهی قزل‌آلا بومی و معرفی شده داشته است. داچمن و همکاران

اهمیت اکولوژیک گونه‌ای مثل ماهی آزاد دریای خزر که گونه ارزشمندی بعد از تاس‌ماهیان در این منطقه است، بسیار حائز اهمیت می‌باشد. اثبات وجود گونه در مناطق مختلف و مورد نظر می‌تواند برای مطالعه ردیابی الگوی مهاجرتی گونه مفید باشد. ماهی آزاد دریای خزر، به دلیل فشار صیادی زیاد و عوامل محیطی، جز گونه‌های در معرض خطر انقراض قرار گرفته است. در سال‌های اخیر به علت تمایل بیشتر به آبزیان و مصرف بیشتر گونه‌های پرورشی و همچنین کمک به بازبانی ذخایر ماهیان اقدام به پرورش ماهی در قفس در دریای خزر شده است.

همکاران (Najar Lashgari *et al.*, 2013) بیشترین مقدار را برای رودخانه سردآبرود ۰/۳۴ به دست آوردند. این مقدار در مطالعه ما ۰/۹۹ به دست آمد.

بیشترین نسبت نوکلئوتید مشاهده شده از نمونه‌های استخراج شده مربوط به باز سیتوزین به میزان ۳۰/۱۳ در نمونه شماره سه و کمترین باز مربوط به باز گوانین به میزان ۱۵/۵۸ در نمونه شماره ۱ بود. این میزان در مطالعه نجارلشگری و همکاران (Najar Lashgari *et al.*, 2013) روی تنوع ژنتیکی ماهی آزاد خزر برای بیشترین درصد مربوط به باز آدنین و کمترین درصد باز گوانین بود. نسبت‌های نرخ انتقال/واگرایی $k_1 = 4/445$ (پورین) و $k_2 = 7/179$ (پیریمیدین) بود. تخمین جهت انتقال/تغییر $3/57$ (R) است. الگو و نرخ جایگزینی تحت مدل ۲ پارامتری کیمورا (Kimura, 1980) و بیشترین جایگزینی مربوط به باز A به G بود. مقدار آماره آزمون تاجیما (D Tajima's) با توجه به مطالعه ما منفی ۰/۸۰ به دست آمده است این در حالی است که کمترین مقدار در مطالعه نجارلشگری و همکاران (Najar Lashgari *et al.*, 2013) برای ماهی آزاد خزر در رودخانه سردآبرود مقدار منفی ۰/۵۰ بوده است. آزمون تاجیما (D Tajima's) به منظور شناسایی هرگونه انحراف از فرضیه صفر تکامل خنثی و شناسایی اثرات انتخاب طبیعی بر ژن محاسبه شد. در این مطالعه نشان داده شد که مقدار D منفی و غیرمعنی‌دار به دست آمده که ممکن است به دلیل اندک بودن نمونه‌های مورد استفاده در مطالعه باشد. همچنین D منفی نشان‌دهنده چندشکلی بیش از حد با فرکانس پایین نسبت به انتظار است، که نشان‌دهنده افزایش اندازه جمعیت است (Tajima, 1989; Kumar *et al.*, 2018; Nei & Kumar, 2000). میانگین تفاوت‌های جفتی و تعداد محل‌های تفکیک، هر کدام به گونه‌ای مقیاس‌بندی می‌شوند که انتظار می‌رود در جمعیتی با اندازه ثابت در حال تحول بی‌طرفانه یکسان باشند. هدف از آزمایش تاجیما (D Tajima's) این است که بین یک توالی DNA که به‌طور تصادفی در حال تکامل است (بیطرف) و یکی که تحت یک فرآیند غیرتصادفی در حال تکامل است، تمایز قائل شود. در کل جمعیت، فراوانی یک جهش خنثی به‌طور تصادفی از طریق رانش ژنتیکی در نوسان است. با توجه به دندوگرام مقایسه‌ای توالی‌های نمونه‌های مورد بررسی براساس روش Clustal W (Sneath *et al.*, 1973; Felsenstein, 1985; Kumar *et al.*, 2018) قرار گرفتن نمونه شماره ۱ در کلید قزل‌آلا رنگین‌کمان و همچنین نمونه شماره ۲ و ۳ در کلید ماهی آزاد دریای خزر، نشان‌دهنده این است که گونه‌ها به‌درستی با روش استفاده شده در مطالعه جدا شده و حضورشون در پیکره آبی توسط DNA محیطی تثبیت شده است.

به‌عنوان نتیجه‌گیری کلی می‌توان بیان کرد این مطالعه برای اولین بار وجود یک گونه آبی در حوضه جنوبی خزر را به روش eDNA مورد بررسی قرار داد. استخراج DNA از آب یک روش کارآمد و قابل اعتماد و همسو با محیط زیست می‌باشد که می‌تواند وجود گونه، مخصوصاً گونه‌های نادر و کمیاب را بدون حضور ظاهری خود گونه در محیط آبی مشخص کند. استفاده از چنین روش‌های غیرتهاجمی می‌تواند در بهبود کیفیت مدیریت منابع آبی و مطالعات روی گونه‌های

(Deutschmann *et al.*, 2018) یک کاوشگر با دو برجسب خاص برای تشخیص eDNA قزل‌آلای قهوه‌ای (*Salmo trutta*, L.) طراحی کردند و از این کاوشگر برای توصیف سرنوشت eDNA رها شده از تأسیسات آبی‌پروری در جریان کم کوهستان Wehebach، آلمان استفاده کردند. مشخص شد که کاوشگر مخصوص ماهی قزل‌آلا قهوه‌ای است، زیرا در استخرهایی که قزل‌آلای رنگین‌کمان (*O. mykiss*) قرار دارد مثبت نبود. نتایج آنها نشان می‌دهد که آزاد شدن DNA از ماهی قزل‌آلا قهوه‌ای ممکن است در مرحله زندگی و/یا وابسته به سن باشد. در هر دو روش مورد استفاده ما در این مطالعه نمونه‌هایی بودند که باند مطلوبی ندادند یا کاملاً جوابی ندادند که می‌تواند به دلیل تخریب مولکول DNA و رقیق شدن آن در پیکره آبی و بر اثر اختلاط جریان آب و شرایط طبیعی محیطی از جمله اثر نور فرابنفش خورشید نیز باشد. نمونه شماره یک با نانوپارتیکل سیلیکا و دو نمونه دیگر با مگنت آمینه استخراج شده‌اند. در نهایت با توجه به آزمون و خطاهای مختلف این دو پروتکل ارجحیت خاصی نسبت به یکدیگر ندارند. هدف ما فقط استخراج و بیان وجود گونه با استفاده از نمونه محیطی بود که حاصل شد. در محیط طبیعی کنترل شرایط محیطی امری سخت است و پیشامدهای غیرمترقبه غیرقابل اجتناب و محتمل است که همه این عوامل می‌تواند روی کیفیت و غلظت نمونه‌ها تأثیرگذار باشد.

این مطالعه برای اولین بار وجود یک گونه آبی در حوضه جنوبی خزر را به روش eDNA مورد بررسی قرار داد. استخراج DNA از آب یک روش کارآمد و قابل اعتماد و همسو با محیط زیست می‌باشد که می‌تواند وجود گونه، مخصوصاً گونه‌های نادر و کمیاب را بدون حضور ظاهری خود گونه در محیط آبی مشخص کند. استفاده از چنین روش‌های غیرتهاجمی می‌تواند در بهبود کیفیت مدیریت منابع آبی و مطالعات روی گونه‌های موجود در پیکره آبی تأثیر به‌سزایی داشته باشد. با توجه به شاخص E-value که بسیار نزدیک به صفر به دست آمده است، مؤید اطمینان و صحت وجود گونه مورد نظر ما و نزدیکی آنها به گونه‌های ثبت شده در بانک جهانی بوده است. شاخص توزیع شکل گاما با مقدار ۰/۵ نشان داد که نرخ جهش بین نمونه‌ها بالاست و این نشان‌دهنده جدایی گونه‌های بین نمونه‌ها است (ضرایب بزرگ‌تر از یک به‌عنوان ضریب ناهمگونی پایین به حساب می‌آیند). شاخص اختلاف در هر مکان برای همه جفت‌های دنباله‌ای نشان داده شده است. مقادیر بیشتر از صفر تفاوت‌های بزرگ‌تر در سوگیری‌های ترکیب پایه را نسبت به انتظار براساس واگرایی تکاملی بین توالی‌ها و به‌طور تصادفی نشان می‌دهد (Kumar & Gadagkar, 2000; Kumar *et al.*, 2018). همچنین نرخ کل transition/transversion (R) با استفاده از روش تامورا و همکاران (Tamura *et al.*, 2013) انجام شد. در تخمین الگوی جانیشینی در مطالعه نجارلشگری و همکاران (Najar Lashgari *et al.*, 2013) بیشترین مقدار واژگونی ۱۷۰ و بیشترین مقدار جایگزینی ۹۰ در رودخانه چالوس بود. این مقدار در این مطالعه برای کل نمونه‌های صید شده از درای خزر به‌صورت کلی محاسبه شد که مقدار واژگونی ۲۳۲ و مقدار جایگزینی ۱۳۷ بود. میانگین درجه خویشاوندی در مطالعه ماهیان آزاد دریای خزر توسط نجارلشگری و

مطالعات اکولوژیکی گشوده است و ادامه و تکمیل آن در مطالعات آتی پیشنهاد می‌شود.

پست الکترونیک نویسندگان

سیده سارا جعفری کناری: ss.jk.sara@gmail.com
 رسول قربانی: rasulghorbani@gmail.com
 حمیدرضا رضایی: hamid.r.rezaei@gmail.com
 رحمت‌اله ندافی: Rahmat.Naddafi@slu.se
 حدیثه کشیری: hadiskashiri@gmail.com
 فرانسوا پومپانون: francois.pompanon@univ-grenoble-alpes.fr

REFERENCES

- Ashtari P., Xiaoxiao H., Wang K., Gong P. 2005. An efficient method for recovery of target ssDNA based on amino-modified silica-coated magnetic nanoparticles. *Talanta*, 67(3):548-554.9140.
- Dejean T., Valentini A., Duparc A., Pellier-Cuit S., Pompanon F., Taberlet P., Miaud C. 2011. Persistence of environmental DNA in freshwater ecosystems. *PLoS ONE*, 6, e23398.
- Deutschmann B., Müller AK., Hollert H., Brinkmann M. 2019. Assessing the fate of brown trout (*Salmo trutta*) environmental DNA in a natural stream using a sensitive and specific dual-labelled probe, *Science of The Total Environment*, 655:321-327.
- Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39:783-791.
- Ficetola G.F., Miaud C., Pompanon F., Taberlet P. 2008. Species detection using environmental DNA from water samples. *Biology Letters*, 4: 423-425.
- Goldberg C.S., Pilliod D.S., Arkle R.S., Waits L.P. 2011. Molecular detection of vertebrates in stream water: a demonstration using rocky mountain tailed frogs and Idaho giant salamanders. *PLoS ONE*, 6, e22746.
- Janatti A., Norozi M., Nazemi A. 2013. Investigation of genetic structure of common carp (*Cyprinus carpio*) population in Anzali wetland and Gorganrood estuary by molecular microsatellite method. *Journal of Aquaculture Development*, 7 (3): 10-1.
- Jerde C.L., Mahon A.R., Chadderton W.L., Lodge D.M. 2011. "Sight-unseen" detection of rare aquatic species using environmental DNA. *Conservation Letters*, 4: 150-157.
- Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35:1547-1549.
- Minamoto T., Yamanaka H., Takahara T., Honjo M.N., Kawabata Z.I. 2012. Surveillance of fish species composition using environmental DNA. *Limnology*, 13: 193-197.
- Najar Lashgari S., Rezvani gilkolae S., Miar A., Mohamadalkhani M. 2013. Study of genetic diversity of Caspian salmon population *Salmo trutta caspius* migrating to Chalous river using sequencing method, the first national conference on passive defense in marine sciences, Bandar Abbas, Iran.
- Nelson J.S. 2006. *Fishes of the World*. New York: Fourth Edition. USA. 622p.

موجود در پیکره آبی تأثیر به‌سزایی داشته باشد. همچنین ردیابی و پراکنش این گونه‌ها می‌تواند در ارزیابی ذخایر گونه‌ای، مدیریت منابع، آینده‌نگری و برآورد سودآوری شیلاتی گونه‌ها تأثیر به‌سزایی داشته باشد و در کاهش هزینه‌های صیادی اثر گذار باشد. باتوجه به شاخص E-value تعریف آن به‌صورت ساده این است که چقدر احتمال دارد که توالی جفت شده با توالی الگوی ما به‌طور تصادفی جفت شده باشد و هیچ رابطه معنی‌داری بین آنها وجود نداشته باشد. مقدار این شاخص که بسیار نزدیک به صفر به‌دست آمده است مؤید اطمینان و صحت وجود گونه موردنظر ما و نزدیکی آن‌ها به گونه‌های ثبت شده در بانک جهانی بوده است. شاخص توزیع شکل گاما با مقدار ۰/۵ نشان داد که نرخ جهش بین نمونه‌ها بالاست و این نشان‌دهنده جدایی گونه‌ای بین نمونه‌ها است (ضرایب بزرگ‌تر از یک به‌عنوان ضریب ناهمگونی پایین به‌حساب می‌آیند). بیشترین نسبت نوکلئوتید مشاهده شده از نمونه‌های استخراج شده مربوط به باز سیتوزین به میزان ۳۰/۱۳ در نمونه شماره ۳ و کمترین باز مربوط به باز گوانین به میزان ۱۵/۵۸ در نمونه شماره ۱ بود. نسبت‌های نرخ انتقال/واگرایی $k_1 = 4/445$ (پورین) و $k_2 = 7/179$ (پیریمیدین) بود. تخمین جهت انتقال/تغییر $R = 3/57$ است. الگو و نرخ جایگزینی تحت مدل ۲ پارامتری کیمورا (Kimura, 1980) و بیشترین جایگزینی مربوط به باز A به G بود. مقدار آماره آزمون تاجیما باتوجه به مطالعه ما منفی ۰/۸۰ به‌دست آمده است. تست تاجیما به منظور شناسایی هرگونه انحراف از فرضیه صفر تکامل خنثی و شناسایی اثرات انتخاب طبیعی بر ژن محاسبه شد. در این مطالعه نشان داده شد که مقدار D منفی و غیرمعنیدار به‌دست آمده که ممکن است به‌دلیل اندک بودن نمونه‌های مورد استفاده در مطالعه باشد. در این مطالعه ۱۵ نمونه آب از مناطق مختلف حوضه جنوبی دریای خزر گرفته شد. برای جداسازی DNA از آب، نانوذرات مغناطیسی با پوشش سیلیس اصلاح شده با آمین استفاده شد. در این مطالعه برای اولین بار از روش مگنت‌های آمینه برای جداسازی DNA محیطی از یک نمونه آب استفاده شد. DNA سه نمونه آب از خروجی آب مرکز تکثیر و پرورش ماهی قزل‌آلا رنگین‌کمان در رودخانه تجن ساری، نمونه آب از قفس ماهیان آزاد در نوشهر و نمونه آب از اطراف قفس پرورشی ماهی آزاد خزر در تنکابن به‌درستی استخراج شد و موردبررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد نمونه شماره ۱ در کلید قزل‌آلا رنگین‌کمان و همچنین نمونه شماره ۲ و ۳ در کلید ماهی آزاد دریای خزر قرار گرفتند، که نشان‌دهنده این است که گونه‌ها به‌درستی با نانوذرات مغناطیسی سلیکاته آمینه جدا شده اند و حضورشان در پیکره آبی توسط DNA محیطی تثبیت شده است.

باتوجه به جواب دادن سه نمونه آب می‌توان از آن به‌عنوان یک روش تازه و جایگزین برای مطالعات شناسایی و اکولوژیکی گونه‌ای استفاده کرد. هرچند در گام‌های بعدی نیاز به بهسازی روش استفاده شده و رسیدن به یک روش قوی‌تر و قابل اتکا احساس می‌شود، ولی به عنوان قدم اول در مطالعه محیطی بدون استفاده از خود گونه و فقط با اثری که در محیط طبیعی می‌گذارد، این روش یک پنجره‌ای تازه رو به

- Nei M., Kumar S. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, NY, USA.
- Pilliod D.S., Goldberg C.S., Arkle R.S., Waits L.P., Richardson J. 2013. Estimating occupancy and abundance of stream amphibians using environmental DNA from filtered water samples. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 70: 1123-1130.
- Pilliod D.S., Goldberg C.S., Arkle R.S., Waits L.P. 2014. Factors influencing detection of eDNA from a streamdwelling amphibian. Molecular Ecology Resources, 14: 109-116.
- Sambrook J., Russell D. 1990. Molecular cloning. Laboratory Manual CSHL Press, 2344p.
- Sattari M., Shahsavani D., Shafiei Sh. 2003. Fisheries 2 (systematic). Haghshenas Publications. Tehran, Iran. (In perisan).
- Sneath P.H.A., Sokal R.R. 1973. Numerical Taxonomy. Freeman, San Francisco, USA.
- Tajima F. 1989. Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics, 123:585-595.
- Takahara T., Minamoto T., Yamanaka H., Doi H., Kawabata Z.I. 2012. Estimation of fish biomass using environmental DNA. PLoS ONE, 7, e35868.
- Tamura K., Nei M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. Molecular Biology and Evolution, 10:512-526.
- Tamura K., Nei M., Kumar S. 2004. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 101:11030-11035.
- Thomsen P.F., Kielgast J., Iversen L.L., Moller P.R., Rasmussen M., Willerslev E. 2012. Detection of a diverse marine fish fauna using environmental DNA from seawater samples. PLoS ONE, 7, e41732.
- Thomsen P.F., Kielgast J., Iversen L.L., Wiuf C., Rasmussen M., Gilbert M.T.P., Orlando L., Willerslev E. 2012. Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. Molecular Ecology, 21: 2565-2573.
- Wilcox T.M., McKelvey K.S., Young M.K., Jane S.F., Lowe W.H., Whiteley A.R., Schwartz M.K. 2013. Robust detection of rare species using environmental DNA: the importance of primer specificity. PLoS ONE, 8, e59520.

نحوه استناد به این مقاله:

جعفری کناری س.، قربانی ر.، رضایی ح.ر.، ندافی ر.، کشیری ح.، پومپنون ف. ۱۴۰۱. شناسایی ماهی آزاد دریای خزر (*Salmo caspius* (Kessler, 1877) و قزل آلی رنگین کمان (*Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792) با استخراج DNA از آب (eDNA). نشریه پژوهش‌های ماهی‌شناسی کاربردی، (۲): ۱۰-۹.

<https://doi.org/10.22034/jair.10.2.11>

Jafari Kenari S., Ghorbani R., Rezaei H., Naddafi R., Kashiri H., Pompanon F. 2022. Identification Caspian salmon *Salmo caspius* (Kessler, 1877) and rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792) by extracting DNA from water (eDNA). Journal of Applied Ichthyological Research, 10(2): 9-18. <https://doi.org/10.22034/jair.10.2.11>

Identification Caspian salmon *Salmo caspius* (Kessler, 1877) and rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792) by extracting DNA from water (eDNA)

Jafari Kenari S¹., Ghorbani R^{2*}., Rezaei H³., Naddafi R⁴., Kashiri H⁵., Pompenon F⁶.

¹ PhD student, Dept. of Fisheries, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.

² Associate Prof., Dept. of Fisheries, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.

³ Prof., Dept. of Environment, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.

⁴ faculty members of Uppsala Agricultural University, Sweden.

⁵ Associate Prof., Dept. of Fisheries, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.

⁶ Prof., of the University of Grenoble, France

Type:

Original Research Paper

<https://doi.org/10.22034/jair.10.2.11>

Paper History:

Received: 10-08-2021

Accepted: 30-08- 2021

Corresponding author:

Ghorbani R. Associate Prof., Dept. of Fisheries, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.

Email: rasulghorbani@gmail.com

Abstract

Proof of species existence in different regions can be useful for studying the migration pattern of the species. The use of non-invasive methods such as eDNA can be very effective in tracking and dispersing and improving the management of water resources and species. In this study, 15 water samples were taken from different areas of the southern Caspian Sea basin. Amino-modified silica-coated magnetic nanoparticles were used to separate DNA from water. In this study, for the first time, the amino magnet method was used to separate environmental DNA from a water sample. DNA of three water samples were properly extracted ,from the water output of *Oncorhynchus mykiss* farm in Tajan river in Sari, water samples from salmon cages in Nowshahr and water samples from around Caspian salmon farming cages in Tonekabon were properly examined. The results showed that sample No. 1 was located in the rainbow trout clad and samples No. 2 and 3 were located in the Caspian Sea salmon clad, indicating that the species were properly isolated with amino silicate magnetic nanoparticles and their presence in the aqueous body was confirmed by environmental DNA.

Keywords: Magnetic nanoparticles, environmental DNA, Species proof, Southern Caspian Basin