

مقایسه ویژگی‌های ریختی و مولکولی جمعیت‌های رودخانه‌ای و دریاچه‌ای ماهی *Barilius mesopotamicus* در حوضه آبریز دجله

چکیده

با توجه به فقدان اطلاعات در مورد ویژگی‌های ریختی و ژنتیکی ماهی کمیاب *B. mesopotamicus* مطالعه‌ای با هدف فراهم آوردن این اطلاعات برای اولین بار در ایران به اجرا درآمد، به همین سبب در پاییز سال ۱۳۹۱ جمعیت‌های ماهی *Barilius mesopotamicus* از سه اکوسیستم متفاوت در حوضه دجله مورد مطالعه و مقایسه قرار گرفت. برای این منظور نمونه‌های ماهی از دو رودخانه سیمره، چنگوله و دریاچه سیاه گاو صید و ۲۹ صفت ریخت‌سنجی به وسیله کولیس دیجیتال اندازه‌گیری و ۷ صفت شمارشی به وسیله لوپ چشمی شمرده شدند. جهت مطالعه اختلاف ریختی بین گروه‌های مورد بررسی، نمونه‌ها با استفاده از مؤلفه‌های اصلی (PCA) و تحلیل متغیرهای کانونی (CVA) مورد تحلیل قرار گرفتند. همچنین جهت مقایسه ژنتیکی و بررسی روابط تبارشناسی این گونه از توالی ژن *Cyt b* استفاده گردید. براساس نتایج آزمون‌های *PCA* و *CVA* جمعیت‌های رودخانه چنگوله و سیمره با جمعیت دریاچه سیاه گاو دارای اختلاف معنی‌داری از لحاظ ریختی داشتند؛ اما در دارنگاره ترسیم شده به روش *Bayesian* و *Maximum likelihood* جمعیت‌های مورد مطالعه از لحاظ ژنتیکی از یکدیگر تمایز نیافته و در یک خوشه قرار گرفتند. در مجموع می‌توان نتیجه‌گیری نمود که تمایز ریختی جمعیت‌ها در مناطق مورد مطالعه بیشتر متأثر از عواملی محیطی بوده و نقش عوامل ژنتیکی در این زمینه محدودتر است.

واژگان کلیدی: ریخت‌شناسی، *Barilius mesopotamicus*، ژن، انعطاف‌پذیری

ریختی، دجله.

مقدمه

علم ریخت‌سنجی در مطالعات ماهی‌شناسی از اهمیت به‌سزایی برخوردار بوده و کاربرد وسیعی در بررسی جمعیت‌ها و رده‌بندی گونه‌ها دارد (Bakhoum, 1994). برخلاف دیگر مهره‌داران، ماهی‌ها یک اجتماع ناهمگن از نظر ویژگی‌های ریختی را تشکیل می‌دهند، چراکه انعطاف-پذیری ریختی به آنها این امکان را می‌دهد تا نسبت به تغییرات محیطی با تغییرات فیزیولوژیکی و رفتاری پاسخ دهند که در نتیجه سبب تغییرات ریختی، تولیدمثلی و بقاء در آنها شده تا آثار سوء تغییرات محیطی را به حداقل برسانند (Swain and Foote, 1999; Turan, 2000).

در آب‌های داخلی ایران ۲۵۷ گونه ماهی در ۱۰۶ جنس و ۲۹ خانواده گزارش شده است که از این بین خانواده Cyprinidae (Ostariophysi: Cypriniformes) با ۱۱۱ گونه بزرگ‌ترین آن‌ها را تشکیل می‌دهد (Coad, 2013; Ghasemian et al., 2015; Jouladeh-Roudbar et al., 2015). Danioninae از جمله زیر خانواده Cyprinidae می‌باشد که با حدود ۲۰۰ گونه در سرتاسر جهان،

آرش جولاده رودبار^{۱*}

سهیل ایگدری^۲

صابر وطن دوست^۳

۱. دانشجوی دکتری تکثیر و پرورش آبزیان، دانشکده شیلات و محیط زیست، گروه شیلات، دانشگاه تهران، کرج، ایران
۲. دانشیار گروه شیلات، دانشکده شیلات و محیط زیست، گروه شیلات، دانشگاه تهران، کرج، ایران
۳. استادیار گروه شیلات، گروه شیلات، واحد بابل، دانشگاه آزاد اسلامی، مازندران، ایران

*مسئول مکاتبات:

arash.aarshaan@yahoo.com

کد مقاله: ۱۳۹۵۰۴۰۳۶۵

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۱۲/۱۶

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۰۶/۲۲

این مقاله برگرفته از سایر فعالیت‌های

پژوهشی است.



ساکن آب‌های شیرین بوده و دارای پراکنش وسیعی از قاره آفریقا تا نواحی شرقی آسیا (شامل جزایر فیلیپین و اندونزی) می‌باشند (Howes, 1991). *Barilius* یکی از جنس‌های زیر خانواده Danioninae با ۲۵ گونه می‌باشد که پراکنش عمده آن از کشور پاکستان تا تایلند است و در حوضه‌های آبریز ایران تنها یک گونه *Barilius mesopotamicus* از این زیرخانواده یافت می‌شود (Coad, 2013). این گونه دارای جثه کوچک با طول کل کمتر از ۵۱ میلی‌متر است (Karakousis et al., 1991). این ماهی دارای ۱ جفت سیبک بر روی فک بالایی می‌باشد که طول آن در حدود ۱۰ درصد طول سر را شامل می‌شود، جمعیت و پراکنش این گونه در ایران نسبتاً محدود بوده و به سه حوضه آبریز دجله، کر و پرسیس محدود می‌شود (Coad, 2013; Jouladeh-Roudbar et al., 2015).

Liao و همکاران (۲۰۱۱) جایگاه آرایه‌شناختی گونه *B. mesopotamicus* را با استفاده از تحلیل توالی ژن *Cyt b* و ویژگی‌های ریختی مورد مطالعه قرار دادند. بر اساس نتایج مطالعات آنها جایگاه این گونه در زیر خانواده Danioninae تایید و وجود سیناپومورفی در استخوان لیگامت Y شکل و Postcleithrum تحلیل رفته در این گونه به اثبات رسید. با توجه به فقدان اطلاعات در مورد ویژگی‌های ریختی و ژنتیکی گونه کمیاب *B. mesopotamicus* در ایران به‌ویژه در حوضه دجله، این مطالعه با هدف فراهم آوردن اطلاعات ریخت‌سنجی شامل ویژگی‌های اندازه‌گیری و شمارشی و توالی ژن *Cyt b* این گونه برای اولین بار در ایران به اجرا درآمد. به علاوه ویژگی‌های ریخت‌سنجی و ژنتیکی براساس توالی ژن *Cyt b* سه جمعیت این گونه *B. mesopotamicus* متعلق به سه زیر حوضه، بخش ایرانی حوضه آبریز دجله مورد مقایسه قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

برای انجام این مطالعه در سال ۱۳۹۱ از سه اکوسیستم آبی مختلف شامل رودخانه سیمره، رودخانه چنگوله و دریاچه سیاه گاو نمونه‌برداری گردید (جدول ۱، شکل‌های ۱ و ۲). رودخانه چنگوله متعلق به زیر حوضه رودخانه دجله بوده و پس از خروج از ایران به این رودخانه متصل می‌گردد، رودخانه سیمره نیز به رودخانه کرخه می‌پیوندد و از مهمترین رودخانه‌های زیرحوضه کرخه می‌باشد اما دریاچه سیاه گاو یک اکوسیستم ایزوله است زیرا نهر خروجی از آن شده در فاصله‌ای اندک از دریاچه خشک شده و به دیگر رودخانه‌ها حوضه دجله متصل نمی‌گردد. در مجموع تعداد ۷۰ نمونه با استفاده از دستگاه الکتروشوکر صید و در محلول فرمالین تثبیت گردید. همچنین نه قطعه ماهی نیز جهت انجام مطالعات مولکولی در الکل ۹۶ درصد تثبیت شد.

در آزمایشگاه تعداد ۲۹ صفت اندازه‌گیری شامل طول کل، طول چنگالی، طول استاندارد، طول پیش باله مخرجی، طول پس باله مخرجی، طول پیش باله پستی، طول پس باله پستی، طول سر، عرض سر، ارتفاع سر، طول پس سر، طول پیش چشمی، طول پس چشمی، قطر چشم، طول باله پستی، ارتفاع باله پستی، طول باله مخرجی، ارتفاع باله مخرجی، طول باله سینه‌ای، طول باله شکمی، کمترین ارتفاع بدن، بیشترین ارتفاع بدن، فاصله بین باله سینه‌ای و مخرجی، فاصله بین باله شکمی و مخرجی، طول باله دم، طول ساقه دم، ارتفاع چشم، طول چشمی پستی و طول پستی دم به وسیله کولیس دیجیتال با دقت ۰/۰۱ میلی‌متر اندازه‌گیری شدند (شکل ۳، جدول ۲). به منظور حذف اثرات اندازه در نمونه‌ها، داده‌های بدست آمده توسط رابطه ۱ استاندارد شدند (Becham, 1985). میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات نیز برای کلیه صفت‌های اندازه‌گیری و شمارشی براساس رابطه ۲ محاسبه شدند.

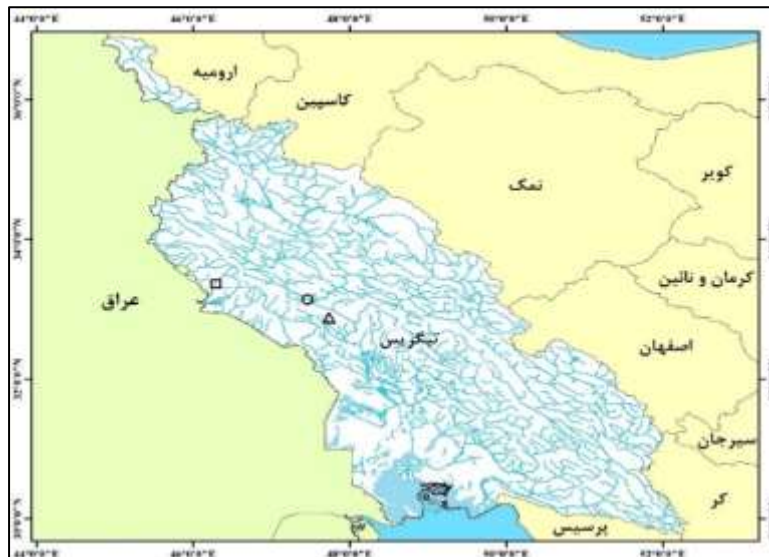
$$M_t = M (L / L_0)^b \quad \text{رابطه ۱}$$

$M_{(0)}$: مقادیر استاندارد شده هر صفت، $M_{(0)}$: طول صفت مشاهده شده، L : میانگین طول استاندارد برای کل نمونه و برای همه مناطق، $L_{(0)}$: طول استاندارد هر نمونه و b : ضریب رگرسیونی بین $\text{Log} M_{(0)}$ و $\text{Log} L_{(0)}$ برای هر منطقه می‌باشد.

$$C.Vp = 100\sqrt{((\sum S^2)/(\sum X^2))}$$

رابطه ۲:

C.Vp: ضریب تغییرات، S^2 : واریانس ویژگی مورد مطالعه و X^2 : مربع میانگین همان ویژگی مورد مطالعه تعداد ۷ صفت شمارشی شامل شعاع سخت باله پشتی، شعاع نرم باله پشتی، شعاع سخت باله مخرجی، شعاع نرم باله مخرجی، تعداد فلس‌های روی خط جانبی، تعداد فلس‌های بالای خط جانبی و تعداد فلس‌های زیرخط جانبی توسط استریومیکروسکوپ لایکا شمارش گردید. برای مقایسه جمعیت‌های مورد مطالعه در هر یک از صفت‌ها، از آنالیز واریانس یک‌طرفه (ANOVA) و برای مقایسه میانگین‌ها از آزمون دانکن استفاده شد. همچنین اندازه‌گیری‌های اصلاح‌شده اندازه‌گیری و داده‌های شمارشی بین گروه‌های مورد بررسی با استفاده از آنالیزهای چند متغیره تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (Principal Component Analysis) و متغیرهای کانونی MANOVA/CVA مورد تحلیل قرار گرفتند. تجزیه تحلیل‌های آماری داده‌ها با نرم‌افزارهای SPSS Ver21، PAST Ver2.17c و Excel 2013 انجام شد.



شکل ۱: جایگاه ایستگاه‌های نمونه‌برداری در حوضه آبریز دجله. ○: رودخانه سیمره، △: دریاچه سیاه گاو، □: رودخانه چنگوله.

جدول ۱: مختصات جغرافیایی ایستگاه‌های نمونه‌برداری در حوضه آبریز دجله.

ردیف	نام ایستگاه	زیرحوضه	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی
۱	رودخانه سیمره	رود کرخه	۴۷° ۲۵' ۲۵"	۳۳° ۱۰' ۲۲"
۲	دریاچه سیاه گاو	ایزوله شده	۴۷° ۴۲' ۰۴"	۳۲° ۵۱' ۵۲"
۳	رودخانه چنگوله	رود دجله	۴۶° ۳۳' ۳۳"	۳۳° ۰۲' ۱۲"



شکل ۲: رودخانه میمه (بالا سمت راست)، رودخانه سیمره (بالا سمت چپ) و دریاچه سیاه گاو (پایین).

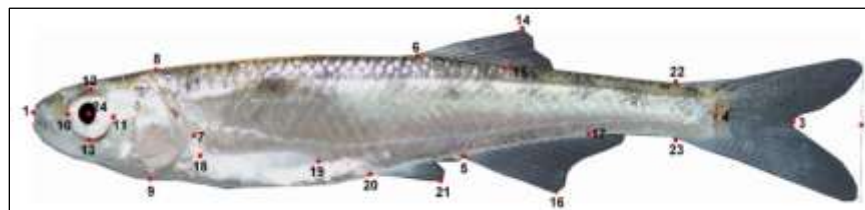
استخراج DNA از باله ماهی نمونه‌های ماهی صورت گرفت (Walash *et al.*, 1991). در این روش باله در بافر استاندارد STE به همراه پروتئیناز K به مدت ۲۴ ساعت هضم و سپس خالص‌سازی با استفاده از فنل و کلروفرم انجام شد. پس از رسوب و شستشوی DNA با الکل، در آب مقطر حل شد. تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراجی با استفاده از دو روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز افقی ژل آگارز انجام شد.

آغازگرهایی که برای تکثیر بخشی از ناحیه *Cyt b* استفاده شد که شامل آغازگرهای رفت (GluF: 5' AACCACCGTTGTATTCAACTACAA3') و برگشت (ThrR: 5' ACCTCCGATCTTCGGATTACAAGACCG3') بودند (Machordom and Doadrio, 2001). واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر انجام شد. مواد استفاده شده در این واکنش شامل سه میکرولیتر بافر X10، ۱/۵ میکرولیتر کلرید منیزیم (۲۰ میلی مول)، یک میکرولیتر آغازگر رفت و یک میکرولیتر آغازگر برگشت (۱۰ پیکومول)، ۰/۵ میکرولیتر (۱۰ میلی مول) dNTPs، ۰/۳ میکرولیتر آنزیم تک پلیمرز (۳ یونیت / میکروگرم) و یک میکرولیتر DNA الگو (۱۰۰ نانوگرم) بودند. برنامه دمایی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز به صورت واسرشت اولیه در ۹۴ درجه سلسیوس برای پنج دقیقه، به دنبال آن سی و پنج چرخه (واسرشت‌سازی در ۹۴ درجه سلسیوس برای ۶۰ ثانیه، اتصال در ۵۰ درجه سلسیوس برای ۷۵ ثانیه، گسترش در ۷۲ درجه سلسیوس برای ۹۰ ثانیه) و در نهایت، گسترش نهایی در ۷۲ درجه سلسیوس به مدت ۵ دقیقه بود. برای اطمینان از تکثیر ناحیه مورد نظر ۵ میکرولیتر از محصول PCR روی ژل آگارز یک درصد بارگذاری (الکتروفورز) شد و توسط اتیدیوم برمایند رنگ آمیزی شد، سپس در معرض تابش نور U.V قرار داده شد و باندهای حاصل از تکثیر قطعه مورد نظر توسط چرخه PCR مشاهده شد.

به منظور توالی‌یابی قطعه مورد نظر ابتدا محصول PCR توسط کیت خالص‌سازی بایونیر (Bioneer, Inc, Daejeon, Korea) خالص شد و در نهایت جهت توالی‌یابی به شرکت ماکروژن کره جنوبی (Macrogen, Inc, Daejeon, Korea) ارسال شد. قطعه تکثیر شده از دو جهت مستقیم و معکوس به همراه تکرار، توالی‌یابی شد.

توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار Bioedit ویرایش شدند. عملیات انطباق توالی‌های ژن *Cyt b* با استفاده از نرم‌افزار ClustalX انجام شد. به منظور یافتن توالی‌های مشابه برای استفاده در بررسی شجره‌شناسی، هاپلو تایپ‌های بدست آمده با استفاده از جستجوی Blast در بانک ژن NCBI با سایر توالی‌های موجود مقایسه شدند. مدل تجزیه و تحلیل با استفاده از نرم‌افزار MrModeltest انتخاب گردید، این نرم‌افزار مدل GTR+I+G و تکرار ۲۰ میلیون نسل را پیشنهاد نمود. برای بررسی شجره‌شناسی به روش Bayesian از نرم‌افزار MrBayes و تکرار ۱

میلیون نسل و برای Maximum likelihood از نرم افزار RaxML و ۱۰۰۰ تکرار استفاده گردید. برای تعیین فاصله نوکلئوتیدی از روش (Kimura, 1980) K2P و نرم افزار MEGA6 استفاده شد. همچنین برای ترسیم دارنگاره‌های ایجاد شده نیز از نرم افزار FigTree استفاده گردید.



شکل ۳: محل اندازه‌گیری صفت‌های اندازه‌گیری روی بدن ماهی *Barilius mesopotamicus*

جدول ۲: صفت‌های اندازه‌گیری ماهی *Barilius mesopotamicus*

فاصله	صفت	فاصله	صفت
۱-۲	طول کل	۶-۱۵	طول پایه باله پشتی
۱-۳	طول چنگالی	۵-۱۶	طول باله مخرجی
۱-۴	طول استاندارد	۵-۱۷	طول پایه باله مخرجی
۱-۵	طول پیش مخرجی	۱۸-۱۹	طول باله سینه‌ای
۲-۵	پس مخرجی	۱۹-۲۰	طول باله شکمی
۱-۶	طول پیش پشتی	۲۲-۲۳	کمترین ارتفاع بدن
۲-۶	طول پس پشتی	۶-۲۰	بیش‌ترین ارتفاع بدن
۱-۷	طول سر	۵-۱۸	فاصله بین باله سینه‌ای و مخرجی
۸-۹	ارتفاع سر	۱۸-۲۰	فاصله بین باله سینه‌ای شکمی
۱-۸	طول پس سر	۵-۲۰	فاصله بین باله شکمی و مخرجی
۱-۱۰	طول پیش چشمی	۲-۴	طول باله دمی
۷-۱۱	طول پس چشمی	۴-۱۷	طول ساقه دمی
۱۰-۱۱	قطر چشم	۶-۲۴	فاصله چشمی-پشتی
۱۲-۱۳	ارتفاع چشم	۴-۶	فاصله پشتی-دمی
۶-۱۴	طول باله پشتی		

نتایج

نتایج تعداد ۲۹ صفت اندازه‌گیری و ۷ صفت شمارشی مربوط به سه جمعیت مورد مطالعه این گونه در جدول‌های ۳ و ۴ آورده شده است. بررسی نتایج تحلیل واریانس یک‌طرفه و آزمون دانکن برای صفت‌های ریخت‌سنجی اصلاح‌شده نشان داد که ۱۰ صفت از بین ۲۹ صفت اندازه‌گیری شده در بین جمعیت‌ها دارای اختلاف معنی‌دار بود ($P < 0.05$) (جدول ۳). در بین صفت‌های مورد مطالعه، طول سر، ارتفاع سر، طول پس سر، طول پیش چشمی، طول پس چشمی و عرض چشم، طول پایه باله پشتی، ارتفاع باله مخرجی، طول سینه‌ای شکمی و سینه‌ای مخرجی در بین جمعیت‌های مورد مطالعه دارای اختلاف معنی‌داری بودند ($P < 0.05$). از ۷ صفت شمارشی ۴ صفت‌های شعاع نرم باله مخرجی، تعداد فلس روی خط جانبی، تعداد ردیف فلس بالای خط جانبی، تعداد ردیف فلس زیرخط جانبی در برخی جمعیت‌ها دارای اختلاف معنی‌داری بود ($P < 0.05$) (جدول ۴).

جدول ۳: میانگین و انحراف معیار (میلی‌متر) و نتایج آنالیز واریانس یک‌طرفه و آزمون دانکن برای صفت‌های ریخت سنجی ماهی *Barilius mesopotamicus* (اعداد داخل پرانتز بیشینه-کمینه می باشد)

P	میانگین کلی	دریاچه سیاه گاو	رودخانه چنگوله	رودخانه سیمره	صفت
-	(۵/۷۳-۱/۴۰) ۶/۷±۴/۵۹	(۶/۶۹-۵/۵۲) ۸/۴±۷/۵۹	(۸/۶۹-۱/۴۰) ۴/۸±۴/۶۱	(۵/۷۳-۱/۴۲) ۱/۸±۵/۸	طول کل
-	(۸/۶۵-۵/۳۶) ۹/۶±۲/۵۴	(۵/۶۲-۵/۴۸) ۲/۴±۱/۵۴	(۳/۶۴-۵/۳۶) ۷/۷±۲/۵۶	(۸/۶۵-۳/۹) ۳/۷±۵/۳	طول چنگالی
-	(۲/۶۱-۹/۳۲) ۵/۶±۹/۴۹	(۳/۵۷-۸/۴۴) ۸/۳±۸/۴۹	(۶/۵۹-۹/۳۲) ۲/۷±۹/۵۱	(۲/۶۱-۱/۳۵) ۸/۶±۸/۴۸	طول استاندارد
۰/۸۶۰	(۲/۴۰-۱/۲۱) ۳/۴±۳/۲	(۱/۲۸-۳/۲۹) ۵/۲±۸/۳۱	(۲/۴۰-۱/۲۱) ۹/۴±۴/۳۳	(۷/۳۹-۱/۲۳) ۶/۴±۳/۳۱	طول پیش مخرجی
۰/۰۵۵	(۳/۲۴-۱/۱۳) ۸/۲±۶/۱۹	(۱/۲۴-۹/۱۵) ۴/۲±۱/۲۰	(۹/۲۳-۱/۱۳) ۹/۲±۷/۱۹	(۳/۲۴-۹/۱۳) ۹/۲±۳/۱۹	طول پس مخرجی
۰/۶۵۹	(۷/۳۸-۸/۱۸) ۸/۳±۵/۲۸	(۹/۳۱-۲/۵) ۲±۳/۲۸	(۳/۳۵-۸/۱۸) ۱/۴±۶/۲۹	(۷/۳۸-۲/۲۰) ۲/۴±۲/۸	طول پیش پشتی
۰/۶۰۹	(۶/۳۱-۵/۱۷) ۴/۳±۳/۲۵	(۸/۲۹-۵/۲۰) ۳±۲/۲۵	(۱/۳۰-۵/۱۷) ۵/۳±۹/۲۵	(۶/۳۱-۵/۱۷) ۶/۳±۲/۵	طول پس پشتی
۰/۰۰۰	(۴/۱۵-۹/۷) ۶/۱±۱/۲	(۴/۱۵-۵/۱۱) ۱/۱ ^a ±۳/۱۳	(۶/۱۴-۹/۷) ۷/۱ ^b ±۲/۱۲	(۴/۱۳-۲/۸) ۳/۱ ^b ±۲/۱۱	طول سر
۰/۰۰۰	(۶/۹-۴/۵) ۱±۸	(۴/۹-۸/۷) ۴/۰ ^a ±۶/۸	(۶/۹-۴/۵) ۲/۱ ^b ±۴/۸	(۴/۹-۷/۵) ۹/۰ ^c ±۵/۷	ارتفاع سر
۰/۰۰۰	(۶/۱۲-۸/۶) ۲/۱±۹/۹	(۶/۱۲-۷/۹) ۹/۰ ^a ±۱/۱	(۶/۱۱-۲/۷) ۲/۱ ^b ±۲/۱۰	(۸/۱۰-۸/۶) ۹/۰ ^c ±۳/۹	طول پس سر
۰/۰۰۰	(۲/۴-۸/۱) ۴/۰±۷/۲	(۲/۴-۴/۲) ۵/۰ ^b ±۲/۳	(۴/۳-۹/۱) ۴/۰ ^b ±۷/۲	(۳/۳-۸/۱) ۳/۰ ^a ±۶/۲	طول پیش چشمی
۰/۰۰۰	(۹/۷-۷/۳) ۱±۳/۶	(۹/۷-۱/۶) ۵/۰ ^a ±۷	(۹/۷-۱/۴) ۰۵/۱ ^b ±۶/۶	(۲/۷-۷/۳) ۹۴/۰ ^c ±۹/۵	طول پس چشمی
۰/۰۰۰	(۲/۱-۴) ۴/۰±۲/۳	(۴-۳) ۲/۰ ^a ±۵/۳	(۴-۱/۲) ۴/۰ ^b ±۴/۳	(۹/۳-۴/۲) ۳/۰ ^c ±۳	قطر چشم
۰/۰۲۹	(۳/۹-۳/۴) ۱/۱±۸/۶	(۳/۸-۶) ۶/۰ ^a ±۳/۷	(۵/۸-۳/۴) ۲/۱ ^{ab} ±۱/۷	(۳/۹-۴/۴) ۲/۱ ^b ±۴/۶	طول پایه باله پشتی
۰/۴۰۵	(۹/۸-۵/۳) ۱±۶	(۹/۸-۱/۵) ۹/۰±۲/۶	(۵/۷-۵/۳) ۱/۱±۴/۶	(۴/۷-۴) ۱±۸/۵	ارتفاع باله پشتی
۰/۵۸۸	(۹/۸-۷/۴) ۱±۷	(۹/۷-۱/۶) ۵/۰±۷	(۶/۸-۲/۵) ۱/۱±۴/۷	((۸-۷/۴) ۱/۱±۸/۶	طول پایه باله مخرجی
۰/۰۱۹	(۸/۱۰-۵) ۳/۱±۳/۸	(۹/۹-۵/۷) ۷/۰ ^a ±۶/۸	(۸/۱۰-۵) ۵/۱ ^{ab} ±۸/۸	(۳/۱۰-۳/۵) ۴/۱ ^b ±۹/۷	ارتفاع باله مخرجی
۰/۳۰۰	(۶/۱۲-۲/۵) ۵/۱±۶/۹	(۷/۱۱-۱/۷) ۱/۱±۹/۹	(۷/۱۱-۲/۵) ۷/۱±۸/۹	(۶/۱۲-۴/۵) ۶/۱±۳/۹	طول باله سینه‌ای
۰/۱۰۵	(۷/۷-۷/۳) ۹/۰±۲/۶	(۳/۷-۲/۵) ۵/۰±۳/۶	(۶/۷-۴/۴) ۱±۶/۶	(۷/۷-۷/۳) ۹/۰±۹/۵	طول باله شکمی
۰/۱۳۳	(۶/۵-۳) ۶/۰±۴/۴	(۵-۳/۳) ۴/۰±۲/۴	(۶/۵-۳) ۶/۰±۵/۴	(۶/۵-۳) ۷/۰±۳/۴	کمترین عرض بدن
۰/۴۳۰	(۱/۱۳-۶/۴) ۸/۱±۱/۱۰	(۶/۱۱-۷/۸) ۸/۰±۹/۹	(۱/۱۳-۶/۴) ۲±۶/۱۰	(۹/۱۲-۵/۶) ۹/۱±۹/۹	بیشترین عرض بدن
۰/۰۰۰	(۲/۲۶-۲/۱۳) ۳±۱/۲۰	(۹/۲۱-۴/۱۶) ۵/۱ ^b ±۶/۱۸	(۲/۲۶-۲/۱۳) ۴/۳ ^a ±۳/۲۱	(۳/۲۵-۱/۱۴) ۳ ^a ±۱/۲۰	طول سینه‌ای مخرجی
۰/۰۰۰	(۱/۱۶-۷/۷) ۹/۱±۴/۱۲	(۱/۱۴-۷/۹) ۱ ^b ±۲/۱۱	(۱۶-۱/۸) ۱/۲ ^a ±۱۳	(۱/۱۶-۷/۷) ۹/۱ ^a ±۵/۱۲	طول سینه‌ای شکمی
۰/۲۱۱	(۴/۱۱-۱/۵) ۳/۱±۱/۸	(۳/۱۰-۸/۶) ۸/۰±۸/۷	(۴/۱۱-۲/۵) ۵/۱±۷/۸	(۲/۱۰-۱/۵) ۴/۱±۹/۷	طول شکمی مخرجی
۰/۲۸۹	(۵/۱۶-۵/۸) ۱/۲±۹/۱۲	(۶/۱۵-۲/۱۰) ۴/۱±۲/۱۳	(۵/۱۶-۷/۸) ۳/۲±۹/۱۲	(۸/۱۵-۵/۸) ۲/۲±۷/۱۲	طول باله دم
۰/۱۳۰	(۱۳-۶/۵) ۵/۱±۷/۸	(۶/۱۰-۲/۶) ۱/۱±۵/۸	(۱۳-۶/۵) ۶/۱±۸/۸	(۱۲-۱/۶) ۵/۱±۷/۸	طول ساقه دم
۰/۵۸۸	(۹/۳-۲) ۳/۰±۱/۳	(۶/۳-۸/۲) ۲/۰±۲/۳	(۹/۳-۲) ۴/۰±۲/۳	(۷/۳-۴/۲) ۳/۰±۱/۳	ارتفاع چشم
۰/۰۶۲	(۲/۳۰-۷/۱۵) ۳/۳±۳/۲۴	(۳/۲۷-۸/۲۰) ۷/۱±۷/۲۳	(۳۰-۷/۱۵) ۸/۳±۵/۲۵	(۲/۳۰-۳/۱۷) ۴/۳±۹/۲۳	طول چشمی پشتی
۰/۰۴۱	(۲/۳۰-۸/۱۳) ۲/۳±۹/۲۰	(۲/۲۴-۵/۱۷) ۸/۱±۵/۲۰	(۲/۲۴-۸/۱۳) ۸/۲±۲/۲۱	(۲/۳۰-۷/۱۴) ۸/۳±۹/۲۰	طول پشتی دم
۰/۰۲۶	(۶/۲-۴/۰) ۵/۰±۳/۱	(۵/۱-۸/۰) ۱/۰±۱/۱	(۵/۲-۴/۰) ۶/۰±۵/۱	(۶/۲-۴/۰) ۶/۰±۳/۱	وزن
-	-	۹/۱	۱۱/۶	۹/۴	ضریب تغییرات C.V _p

جدول ۴: میانگین و انحراف معیار (میلی متر) و نتایج آنالیز واریانس یک طرفه و آزمون دانکن برای صفت‌های شمارشی ماهی *Barilius mesopotamicus* (اعداد داخل پرانتز بیشینه-کمینه می باشد)

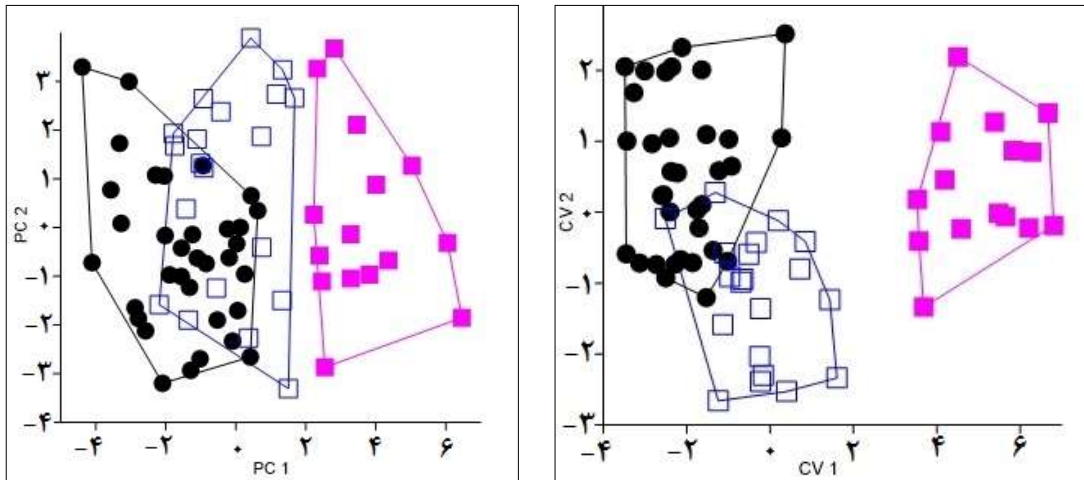
P	کلیه مناطق	دریاچه سیاه گاو	رودخانه چنگوله	رودخانه سیمره	صفت
-	$(3-3) \pm 3$	$(3-3) \pm 3$	$(3-3) \pm 3$	$(3-3) \pm 3$	شعاع سخت باله پشتی
0/000	$(9-7) 5/0 \pm 74/7$	$(7-7) \pm 7$	$(8-7) 5/0 \pm 42/7$	$(9-7) 4/0 \pm 98/7$	شعاع نرم باله پشتی
-	$(3-3) \pm 3$	$(3-3) \pm 3$	$(3-3) \pm 3$	$(3-3) \pm 3$	شعاع سخت باله مخرجی
0/000	$(13-11) 5/0 \pm 9/11$	$(12-11) 5/0 \pm 3/11$	$(13-11) 7/0 \pm 7/11$	$(13-12) 3/0 \pm 1/12$	شعاع نرم باله مخرجی
0/000	$(50-46) 2/1 \pm 8/46$	$(49-48) 5/0 \pm 6/48$	$(49-46) 3/1 \pm 5/47$	$(50-46) 7/0 \pm 3/46$	تعداد فلس روی خط جانبی
0/000	$(9-7) 4/0 \pm 7/7$	$(7-7) \pm 7$	$(9-7) 5/0 \pm 6/7$	$(8-7) 2/0 \pm 9/7$	ردیف فلس بالای خط جانبی
0/263	$(4-3) 2/0 \pm 3$	$(4-3) 5/0 \pm 3/3$	$(4-3) 3/0 \pm 1/3$	$(4-3) 1/0 \pm 3$	ردیف فلس زیرخط جانبی
-	-	5/3	6/2	6/4	ضریب تغییرات C.Vp

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفت‌های اندازه‌شی، ۹ مولفه با مقادیر ویژه بزرگ‌تر از ۱ را انتخاب کرده که شامل ۷۳/۷۳ درصد تنوع صفت‌ها می‌باشد. در مورد مولفه اول صفت‌های طول سر، ارتفاع سر، طول پس سر و قطر چشم، در مولفه دوم طول پس مخرجی، طول پس پشتی و طول باله دم، در مولفه سوم ارتفاع باله پشتی، در مولفه چهارم طول شکمی مخرجی، در مولفه پنجم طول باله مخرجی و ارتفاع باله مخرجی، در مولفه ششم بیشترین عرض بدن، در مولفه هفتم ارتفاع چشم، در مولفه هشتم طول پس پشتی و مولفه نهم طول باله سینه‌ای دارای ضریب مولفه‌ای بزرگ‌تر از ۰/۷ بودند.

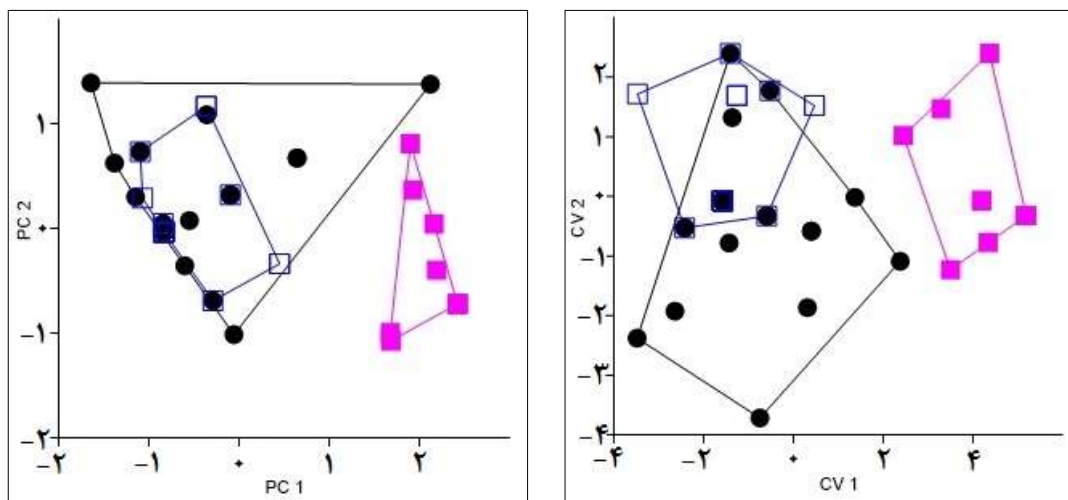
نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفت‌های شمارشی، ۲ مولفه با مقادیر ویژه بزرگ‌تر از ۱ را انتخاب کرده که شامل ۷۴/۷۳ درصد تنوع صفت‌های می‌باشد. در مورد مولفه اول صفت‌های شعاع نرم باله مخرجی، تعداد فلس روی خط جانبی و تعداد ردیف فلس بالای خط جانبی و در مولفه دوم تعداد ردیف فلس زیرخط جانبی واجد ضریب مولفه‌ای بزرگ‌تر از ۰/۷ بودند.

پراکنش نقطه‌ای جمعیت‌ها بر اساس مولفه‌های اول و دوم آزمون PCA صفت‌های اندازه‌شی نشان داد که جمعیت‌های رودخانه سیمره و چنگوله علی‌رغم همپوشانی نسبی با یکدیگر هیچ‌گونه همپوشانی با جمعیت دریاچه سیاه گاو ندارند و نمونه‌های این رودخانه به‌صورت مجزا قرار گرفته‌اند. ترسیم پراکنش نقطه‌ای جمعیت‌ها بر اساس آزمون CVA صفت‌های اندازه‌شی نیز نتایج مشابهی مانند همانند آزمون PCA را نشان داد به‌طوری‌که طبق نتایج این آزمون نیز نمونه‌های رودخانه سیمره و چنگوله همپوشانی نسبی دارند. نمونه‌های دریاچه سیاه گاو نیز به‌صورت مجزا از دو رودخانه سیمره و چنگوله قرار گرفتند. نتایج آزمون MANOVA صفت‌های اندازه‌شی نیز نشان داد که سه جمعیت از نظر این ویژگی‌ها دارای تفاوت معنی‌داری می‌باشند ($P < 0/05$).

پراکنش نقطه‌ای جمعیت‌ها بر اساس مولفه‌های اول و دوم آزمون PCA صفت‌های شمارشی نیز نشان داد جمعیت رودخانه چنگوله با جمعیت رودخانه سیمره دارای همپوشانی کامل می‌باشد، اما هیچ‌گونه همپوشانی بین این دو جمعیت با جمعیت دریاچه سیاه گاو مشاهده نشد. آزمون CVA صفت‌های شمارشی نیز نشان داد جمعیت‌های رودخانه سیمره و چنگوله همپوشانی نسبی با یکدیگر دارند. نمونه‌های دریاچه سیاه گاو نیز همانند آزمون PCA به‌صورت مجزا از دو رودخانه سیمره و چنگوله قرار گرفتند. نتایج آزمون MANOVA صفت‌های شمارشی نیز نشان داد که بین دو جمعیت سیمره و چنگوله از نظر این ویژگی‌ها تفاوت معنی‌داری وجود ندارد ($P > 0/05$).



شکل ۴: نمودار پراکنش افراد بر اساس آزمون CVA (سمت راست) و PCA (سمت چپ) صفت‌های اندازه‌شی نمودار پراکنش افراد بر اساس آزمون CVA (سمت راست) و PCA (سمت چپ) صفت‌های اندازه‌شی در *Barilius mesopotamicus* در ایستگاه‌های مورد مطالعه، ●: رودخانه سیمره، ■: دریاچه سیاه گاو، □: رودخانه چنگوله.

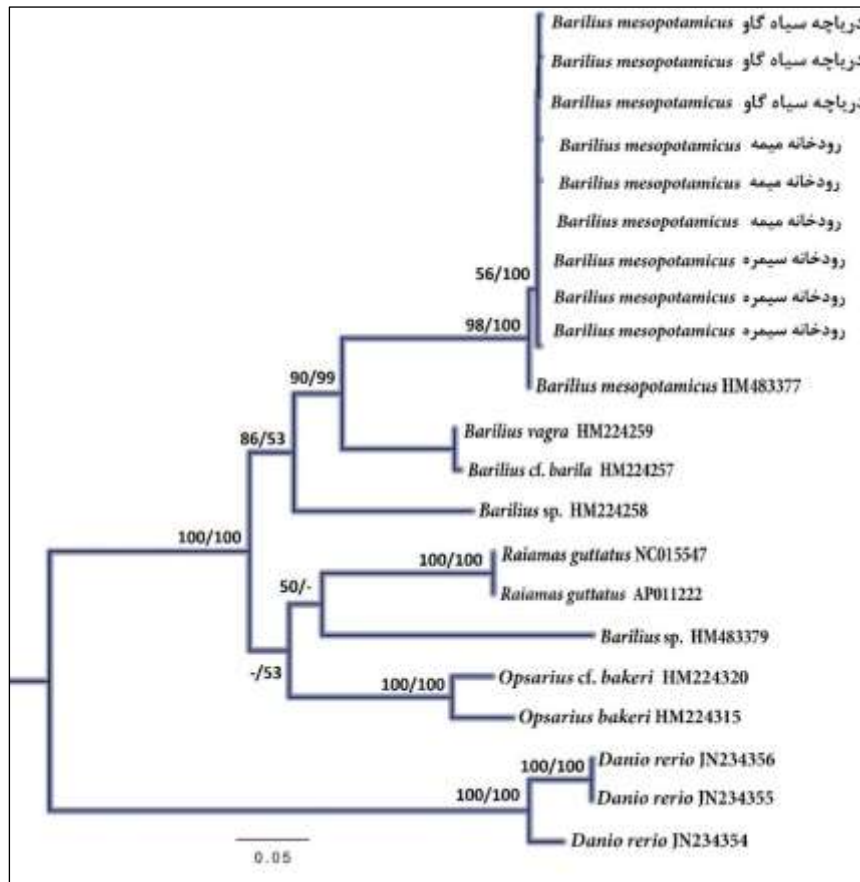


شکل ۵: نمودار پراکنش افراد بر اساس آزمون CVA (سمت راست) و PCA (سمت چپ) صفت‌های شمارشی در *Barilius mesopotamicus* در ایستگاه‌های مورد مطالعه، ●: رودخانه سیمره، ■: دریاچه سیاه گاو، □: رودخانه چنگوله (به علت منطبق شدن نمونه‌های مشابه بر همدیگر، تعداد نمونه‌ها در این نمودار کمتر به نظر می‌رسد در صورتی که تعداد نمونه‌های مورد آزمون در ویژگی‌های اندازه‌شی و شمارشی با یکدیگر برابر هستند). در این مطالعه ناحیه ژنی *Cyt b* برای گونه *B. mesopotamicus* تکثیر و برای اولین بار توالی طول قطعه ۱۱۲۰ جفت باز از این ژن مربوط به جمعیت‌های بخش ایرانی حوضه دجله به دست آمد (شکل ۶).



شکل ۶: نتیجه هم‌ردیفی ژن *Cyt b* نمونه‌های مورد مطالعه؛ ۱-۳: سیاه‌گاو، ۴-۶: سیمره و ۷-۹: چنگوله.

هر دو دارنگاره ترسیم شده با استفاده از روش‌های Maximum likelihood و Bayesian دارای شکل مشابهی بودند به همین تنها یکی از دارنگاره‌ها ترسیم گردید. مطابق نتایج تمامی نمونه‌های *B. mesopotamicus* در یک خوشه قرار گرفته و رابطه نزدیکی با هاپلوتایپ *B. mesopotamicus* کشور ترکیه داشتند، بیشترین فاصله ژنتیکی با این هاپلوتایپ به مقدار ۰/۹۰ درصد مربوط به هاپلوتایپ دریاچه سیاه‌گاو و کمترین آن نیز با هاپلوتایپ‌های رودخانه سیمره و چنگوله محاسبه شد. با توجه به فقدان توالی ژن *Cyt b* برای گونه *B. mesopotamicus* در بانک ژن امکان مقایسه جمعیت‌های ایرانی این گونه میسر نگردید و تنها امکان مقایسه با برخی از جمعیت‌های غیر ایرانی جنس *Barilius* و دیگر جنس‌های مشابه خانواده Cyprinidae امکان پذیر بود.



شکل ۶: دارنگاره ترسیم شده با استفاده از روش Maximum likelihood برای توالی‌های ژن Cyt b ماهیان مورد مطالعه و توالی‌های موجود در بانک ژن (NCBI).

اعداد روی خطوط مقادیر ضرایب بوسترپ را نشان می‌دهند. عدد سمت چپ مربوط به روش Maximum likelihood و اعداد سمت راست مربوط به روش Bayesian هستند. اعداد قابل مشاهده در کنار نام‌های علمی کدهای دسترسی هاپلوتایپ‌های مورد استفاده از بانک ژن هستند.

جدول ۵: فواصل K2P محاسبه شده با استفاده از نرم افزار MEGA6 (درصد).

شماره	گونه	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵
۱	<i>B. mesopotamicus</i> (چنگوله)															
۲	<i>B. mesopotamicus</i> (چنگوله)	۱۷/۰														
۳	<i>B. mesopotamicus</i> (چنگوله)	۱۷/۰	۳۶/۰													
۴	<i>B. mesopotamicus</i> (سیمره)	۰۰/۰	۱۷/۰	۱۷/۰												
۵	<i>B. mesopotamicus</i> (سیمره)	۱۷/۰	۳۶/۰	۳۶/۰	۱۷/۰											
۶	<i>B. mesopotamicus</i> (سیمره)	۰۰/۰	۱۷/۰	۱۷/۰	۰۰/۰	۱۷/۰										
۷	<i>B. mesopotamicus</i> (سیاه‌گاو)	۰۹/۰	۳۷/۰	۳۷/۰	۰۹/۰	۳۷/۰	۰۹/۰									
۸	<i>B. mesopotamicus</i> (سیاه‌گاو)	۳۷/۰	۴۵/۰	۴۵/۰	۳۷/۰	۴۵/۰	۳۷/۰	۱۷/۰								
۹	<i>B. mesopotamicus</i> (سیاه‌گاو)	۳۷/۰	۴۵/۰	۴۵/۰	۳۷/۰	۴۵/۰	۳۷/۰	۱۷/۰	۳۶/۰							
۱۰	<i>B. mesopotamicus</i> HM483377	۶۳/۰	۸۱/۰	۸۱/۰	۶۳/۰	۸۱/۰	۶۳/۰	۷۳/۰	۹۰/۰	۹۰/۰						

شماره	گونه	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵
۱۱	<i>Barilius</i> sp. HM483379	۲۳/۲۳	۲۳/۲۳	۲۳/۲۳	۲۳/۲۳	۴۹/۲۳	۲۳/۲۳	۲۳/۲۳	۶۱/۲۳	۶۰/۲۳	۰/۲۳					
۱۲	<i>vagra</i> HM224259.B	۸۲/۱۶	۹۱/۱۶	۹۳/۱۶	۸۲/۱۶	۰۶/۱۷	۸۲/۱۶	۹۴/۱۶	۱۷/۱۷	۹۴/۱۶	۲۸/۱۶	۸۴/۲۱				
۱۳	<i>Barilius</i> sp. HM224258	۶۳/۲۰	۷۳/۲۰	۷۵/۲۰	۶۳/۲۰	۶۳/۲۰	۶۳/۲۰	۷۶/۲۰	۰۰/۲۱	۸۹/۲۰	۲۹/۲۰	۶۳/۲۳	۱۶/۱۷			
۱۴	<i>Barilius</i> cf. <i>barila</i> HM224257	۵۸/۱۶	۶۷/۱۶	۶۹/۱۶	۵۸/۱۶	۸۲/۱۶	۵۸/۱۶	۷۰/۱۶	۹۳/۱۶	۷۰/۱۶	۰۴/۱۶	۷۱/۲۱	۳۶/۰	۹۱/۱۶		
۱۵	<i>Raiamas guttatus</i> AP011222	۶۰/۲۰	۸۳/۲۰	۷۲/۲۰	۶۰/۲۰	۸۶/۲۰	۶۰/۲۰	۷۳/۲۰	۹۷/۲۰	۷۳/۲۰	۳۹/۲۰	۹۴/۲۰	۵۸/۱۹	۹۰/۱۹	۲۰/۱۹	
۱۶	<i>Opsarius bakeri</i> HM224315	۶۳/۲۲	۸۶/۲۲	۷۵/۲۲	۶۳/۲۲	۹۰/۲۲	۶۳/۲۲	۷۷/۲۲	۶۱/۲۲	۰۰/۲۳	۱۵/۲۲	۰۲/۲۱	۶۷/۲۱	۷۷/۲۱	۲۸/۲۱	۸۴/۱۹

بحث و نتیجه گیری

این مطالعه برای اولین بار اطلاعات ریخت‌سنجی شامل ویژگی‌های اندازه‌شی و شمارشی و توالی ژن *Cyt b* گونه *B. mesopotamicus* را در بخش ایرانی حوضه دجله فراهم آورد. نتایج نشان داد که جمعیت‌های مورد مطالعه از لحاظ ژنتیکی از یکدیگر تمایز نیافته بودند؛ بنابراین می‌توان نتیجه‌گیری نمود که تفاوت‌های مشاهده شده در مورد مطالعه بیشتر متاثر از عواملی محیطی بوده و نقش عوامل ژنتیکی در این زمینه محدودتر است. به‌طور کلی صفت‌های ریخت‌شناسی ماهیان در مقایسه با سایر مهره‌داران بیشتر دچار تغییرات درون و بین‌گونه‌ای شده و نسبت به تغییرات ناشی از محیط حساسیت بیشتری دارند؛ بنابراین اثرات برخی از عامل‌های محیطی نظیر درجه حرارت، شوری، دسترسی به غذا و یا فاصله مهاجرت می‌تواند سبب تفکیک ریختی ماهیان گردد (Katselis et al., 2006; Pinheiro et al., 2005; Swain and Foote, 1999; Tudela, 1999). در مطالعات بسیاری از صفت‌های ریخت‌سنجی برای شناسایی جمعیت‌های مختلف ماهیان استفاده می‌گردد (Swain and holtby, 1989).

تفاوت‌های ریختی درون جمعیتی می‌تواند تحت تأثیر سه عامل رشد آلومتریکی، وجود بیش از یک جمعیت در منطقه و یا حضور گروه‌های فنوتیپی مختلف در یک منطقه باشد (Beacham, 1985; Soule and Couzin-Roudy, 1982). اثر رشد ناهمسان با استاندارد شدن داده‌ها تا حدود زیادی کاهش می‌یابد و با نمونه‌برداری از یک منطقه مشخص و محدود می‌توان از وجود جمعیت‌های مختلف در یک ناحیه جلوگیری نمود؛ بنابراین به دلیل حذف اندازه و انتخاب جمعیت همسان در این مطالعه، دلیل وجود گروه‌های مختلف ریختی می‌تواند به‌واسطه شرایط متفاوت محیطی و یا تفاوت‌های ژنتیکی باشد. براساس نتایج می‌توان بیان نمود که احتمالاً تفاوت‌های محیطی سبب تفاوت‌های اندازه‌شی گردیده است. بین ضریب تغییرات و وراثت‌پذیری صفت‌های ریخت‌شناسی رابطه عکس وجود دارد. هر چه میزان ضریب تغییرات بیشتر باشد وراثت‌پذیری کاهش یافته و سهم تغییرات محیطی در تغییرپذیری صفت‌های ریخت‌شناسی بیشتر شود (Jouladeh-Roudbar et al., 2015; Liao et al., 2011; Poulet et al., 2004).

مقایسه صفت‌های اندازه‌شی و شمارشی نشان داد که در جمعیت‌های مورد مطالعه ضریب تغییرات صفت‌های اندازه‌شی بیشتر از صفت‌های شمارشی است، بنابراین اثر عامل‌های محیطی بر روی صفت اندازه‌شی بیشتر بوده است. میزان ضریب تغییرات صفت‌های اندازه‌شی در رودخانه سیمره ۹/۴، رودخانه چنگوله ۱۱/۶، در دریاچه سیاه گاو ۹/۱ و در مقابل برای صفت‌های شمارشی در رودخانه سیمره ۶/۴، رودخانه چنگوله ۶/۲ و در دریاچه سیاه گاو ۵/۳ به دست آمد. میانگین ضریب تغییرات صفت‌های شمارشی در بین این دو جنسیت نشان می‌دهد که تنوع این گروه از صفت‌ها در سه جمعیت تقریباً نزدیک به هم است.

براساس نتایج، میانگین طول پایه باله پشتی در بین جمعیت‌های مورد مطالعه دارای اختلاف معنی‌دار بود است، افزایش طول پایه باله با سرعت جریان آب رابطه مستقیم دارد (Smith, 1966). همچنین افزایش طول پایه باله نشان‌دهنده سازش ماهی با جریان‌های تند آب بوده و باعث می‌شود تا ماهی در زیستگاه‌هایی با جریان تند راحت شنا نماید. مطابق نتایج به‌دست‌آمده طول پایه باله پشتی در دو رودخانه چنگوله و

سیمره که دارای شدت جریان بیشتری می‌باشند از دریاچه سیاه گاو که دارای آبی راکد و آرام می‌باشد بیشتر است و به نظر می‌رسد اختلاف در سرعت و شدت جریان این در رودخانه‌ها دلیل این اختلاف است. اندازه قطر چشم در ماهیان دریاچه سیاه گاو به‌طور معنی‌داری بیشتر از دو ایستگاه دیگر بوده است به نظر می‌رسد وجود شرایط اکولوژی متفاوت از قبیل کدورت، شدت جریان و عمق آب در زیستگاه‌های مورد مطالعه باعث این تغییر در نمونه‌های مورد مطالعه شده باشد. بیشتر از این نیز Swin و Holtby (۱۹۸۹) علت تفاوت در اندازه و ریخت چشم ماهیان را به عواملی محیطی از قبیل نوع تغذیه، عمق زیست ماهی، وجود و یا عدم وجود نور در محیط و روش زندگی ارتباط داده بودند.

با توجه به نتایج، صفت‌های اندازه‌گیری و شمارشی جمعیت دو رودخانه چنگوله و سیمره با یکدیگر همپوشانی داشته اما جمعیت دریاچه سیاه گاو تفاوت معنی‌داری با هر دو جمعیت نشان داد؛ اما برخلاف ویژگی‌های ریختی، جمعیت‌ها از لحاظ ژنتیکی از یکدیگر تمایز نیافته و فواصل K2P محاسبه شده جمعیت‌ها کمتر از ۱ درصد است (جدول ۵). در دارنگاره ترسیم شده به روش Maximum likelihood و Bayesian جمعیت‌های مورد مطالعه از یکدیگر تمایز نیافته و در یک خوشه قرار گرفتند، البته جمعیت مربوط به دریاچه سیاه گاو اختلاف اندکی با (حدود ۰/۹ درصد) با دیگر نمونه‌های مورد مطالعه داشتند. پژوهش‌های اخیر مشخص کرده است که اختلافات ریخت‌شناسی بین گروه‌های مختلف ماهیان الزاماً آن‌ها را از لحاظ ژنتیکی جدا نمی‌کند و در عوض در پارامترهای موارد تفاوت‌های ریخت‌شناسی صرفاً ناشی از محیط بوده و اختلافات ژنتیکی نقشی اندکی را ایفا می‌نمایند. رودخانه‌های چنگوله و سیمره از رشته کوه‌های زاگرس سرچشمه می‌گیرند، این امر سبب گردیده که در طول سال متغییرهای کمی و کیفی آب این رودخانه‌ها اغلب دارای شرایط مشابه به هم باشد ولی دریاچه سیاه گاو از این حیث متفاوت است زیرا سرچشمه این رودخانه چشمه‌های زیر زمینی بستر دریاچه سیاه گاو است، این عامل سبب شده که اغلب در تمام مدت سال متغییرهای کمی و کیفی آب رودخانه ثابت بوده و فون آبزیان آن به ویژه ماهیان شرایط پایداری را به خود بگیرد، از طرفی دیگر به نظر می‌رسد ارتباط این رودخانه با دیگر رودخانه‌های مجاور اطراف به طور کامل قطع گردیده و جمعیت ماهیان آن ایزوله گردیده‌اند. احتمالاً این عامل باعث گردیده به مرور زمان به صورت گسترده فوتوتیپ و به مقدار اندکی اختلاف ژنتیکی در جمعیت ماهی *B. mesopotamicus* آن ایجاد گردد.

توضیح دادن علل به وجود آمدن تفاوت‌های ریختی میان جمعیت‌ها بسیار دشوار است. به‌طور کل صفت‌های ریختی تحت کنترل و در هم کنش دو عامل شرایط محیطی و ژنتیک می‌باشند (Smith, 1966). صفت‌های محیطی در خلال دوران اولیه تکوین ماهی غالب بوده و افراد نسبت به شرایط محیطی حساسیت بیشتری دارند. معمولاً ماهیانی که در دوران اولیه زندگی دارای شرایط محیطی مشابهی هستند از لحاظ ریختی وضعیت مشابهی دارند (Mamuris et al., 1998) از سوی دیگر هنگامی که ماهی در اوضاع محیطی جدیدی قرار گیرد، این امکان وجود دارد که تغییرات ریخت‌شناسی سریعاً در آن رخ دهد پیش از این نیز نقش عوامل محیطی و جدایی زیستگاه‌ها به‌عنوان عامل اصلی تغییرات ریختی و ژنتیکی به اثبات رسیده است (Swain and holtby, 1989; Swain and foote, 1999). بنابر نتایج به‌دست‌آمده می‌توان این‌چنین بیان کرد که صفت‌های اندازه‌گیری و شمارشی توانستند تا حدود زیادی جمعیت‌های مورد مطالعه را تفکیک کنند؛ اما این جمعیت‌ها از لحاظ ژنتیکی اختلاف محدودی با یکدیگر داشتند.

منابع

- Bakhoun, S. A., 1994.** Comparative study on length-weight relationship and condition factor of the genus *Oreochromis* in polluted and non-polluted parts of Lake Mariut Egypt. Bulletin of National Institute of Health Sciences Fish. (Egypt), (20): 1, 201-210.
- Beacham, T. D., 1985.** Meristic and morphometric variation in pink salmon *Oncorhynchus gorbuscha* in southern British Columbia and Puget Sound. Canadian journal of zoology, 63(2): 366-372.
- Coad, B. W., 2013.** Freshwater Fishes of Iran. Available at <http://www.briancoad.com> (accessed on 12 March 2013).

- Ghasemian, H., Roudbar, A. J., Eagderi, S., Abbasi, K., Vatandoust, S. and Esmaceli, H. R., 2015.** Ichthyofauna of Urmia basin: Taxonomic diversity, distribution and conservation. *Iranian Journal of Ichthyology*, 2(3): 177-193.
- Howes, G. J., 1991.** Systematics and biogeography: an overview. In *Cyprinid Fishes* (pp. 1-33). Springer Netherlands.
- Jouladeh-Roudbar, A., Eagderi, S. and Esmaceli, H. R., 2015.** Fishes of the Dasht-e Kavir basin of Iran: an updated checklist. *International Journal of Aquatic Biology*, 3(4): 263-273.
- Jouladeh-Roudbar, A., Vatandoust, S., Eagderi, S., Jafari-Kenari, S. and Mousavi-Sabet, H., 2015.** Freshwater fishes of Iran; an updated checklist. *AACL Bioflux*, 86:855-909.
- Karakousis, Y., Triantaphyllidis, C. and Economidis, P. S., 1991.** Morphological variability among seven populations of brown trout, *Salmo trutta* L., in Greece. *Journal of fish Biology*, 38(6): 807-817.
- Katselis, G., Hotos1, G., Minos, G. and Vidalis, K., 2006.** Phenotypic Affinities on Fry of Four Mediterranean Grey Mullet Species. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 6: 49-55
- Kimura, M., 1980.** A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*, 16(2): 111-120.
- Liao, T. Y., Kullander, S. O. and Fang, F., 2011.** Phylogenetic position of rasborin cyprinids and monophyly of major lineages among the Danioninae, based on morphological characters (Cypriniformes: Cyprinidae). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 49(3): 224-232
- Lindsey, C. C., 1988.** Factors controlling meristic variation. In: Hoar, W.S., Randall, D.J. (Eds.), *Fish Physiology*. Academic Press, San Diego, CA, pp. 197-274.
- Machordom, A., and Doadrio, I., 2001.** Evidence of a Cenozoic Betic-Kabilian connection based on freshwater fish phylogeography (*Luciobarbus*, Cyprinidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 18(2), 252-263.
- Mamuris, Z., Apostolidis, P., Panagiotaki, P., Theodorou, A. J. and Triantaphyllidisdir, C., 1998.** Morphological variation between red mullet populations in Greece. *Journal of Fish Biology*, 52(1): 107-117
- Pinheiro, A., Teixeira, C. M., Rego, A.L., Marques, J. F. and Cabral, H.N., 2005.** Genetic and morphological variation of *Solea lascaris* (Risso, 1810) along the Portugese coast. *Fisheries Research*, 73: 67- 78.
- Poulet, N., Berrebi, P., Crivelli, A. J., Lek, S. and Argillier, C., 2004.** Genetic and morphometric variations in the pikeperch (*Sander lucioperca* L.) of a fragmented delta. *Archiv für Hydrobiologie*, 159(4): 531-554.
- Smith, G. R., 1966.** Distribution and evolution of the North American catostomid fishes of the subgenus *Pantosteus*, genus *Castostomus*. Miscellaneous publications, Museum of Zoology, University of Michigan. 129 p.
- Soule, M. and Couzin-Roudy, J., 1982.** Allometric variation. 2. Developmental instability of extreme phenotypes. *American Naturalist*, 120: 765-786.
- Swain, D. P. and Holtby, L. B., 1989.** Differences in morphology and behavior between juvenile coho salmon *Oncorhynchus kisutch* rearing in a lake and in its tributary stream. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 46(8): 1406-1414.
- Swain, D.P. and Foote, C. J., 1999.** Stocks and chameleons: The use of phenotypic variation in stock identification. *Fisheries Research*. 43: 113- 128.
- Tudela, S., 1999.** Morphological variability in a Mediterranean, genetically homogeneous population of the European anchovy, *Engraulis encrasicolus*. *Fisheries Research*, 42(1): 229-243.
- Turan, C., 2000.** Otolith shape and meristic analysis of herring (*Clupea harengus*) in the North-East Atlantic. *Archive of Fishery and Marine Research*, 48(3): 213-225.
- Turan, C., Oral, M., Öztürk, B. and Düzgüneş, E., 2006.** Morphometric and meristic variation between stocks of Bluefish *Pomatomus saltatrix* in the Black, Marmara, Aegean and northeastern Mediterranean Seas. *Fisheries Research*, 79(1): 139-147.
- Walsh, P. S., Metzger, D. A. and Higuchi, R., 1991.** Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques*, 10(4): 506-513.

