

Research Article

Investigation of mitochondrial genome by PCR-RFLP method in the populations of *Artemia* species (Leach, 1819) in IranMahbobeh Hajirostamlou^{1*}, Sohrab Rezvani Gilkolaei², Seyyed Mohammadreza Fatemi³, Majid Sadeghizadeh⁴¹ Department of Biology, Faculty of Basic Sciences, Marand Branch, Islamic Azad University, Marand, Iran² Iranian Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Tehran, Iran³ Department of Marine Sciences, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran⁴ Department of Genetics, Faculty of Biological Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

Key Words

Artemia
mtDNA
RFLP
Genetic diversity
Iran

Abstract

Introduction: *Artemia* or brine shrimp is a small crustacean found in different parts of the world except the Arctic. This research was done considering the importance of molecular studies in identifying the species populations and the genetic diversity in bisexual and unisexual forms of *Artemia* (together and among populations).**Materials & Methods:** *Artemia* were sampling from 9 regions (Shoor, Inche Borun, Namak, Hoze Sultan, Mighan, Maharlu, Bakhteghan, Urmia and Nogh Lakes) and 315 samples were used according phenol-chloroform method for DNA extraction. The primers were designed based on the sequence of *Artemia*'s mitochondrial ribosomal gene and PCR was performed. Enzymatic digestion of the PCR product was performed with 10 enzymes (*AluI*, *Eco47I*, *HaeIII*, *HindIII*, *HinfI*, *MobI*, *MspI*, *RsaI*, *TaqI*, *EcoRI*). After identifying genotypes and calculating haplotypes, haplotype and nucleotide diversity within a population, nucleotide diversity and divergence between populations and genetic distance between haplotypes with Reap analysis software and frequency of geographic heterogeneity of haplotypes with Chi-square test and Monte-Carlo simulation were calculated.**Results:** This study showed the presence of 25 different haplotypes, including 9 haplotypes in Urmia, 4 in Shoor and Inche Borun, 4 in Nogh, 1 in Namak and Hoze Sultan, 3 in Mighan, 1 jointly in Bakhteghan and Maharlu, and 3 in Maharlu. The lowest haplotype diversity in the samples was found in Hoze Sultan, Namak and Bakhteghan and the highest amount was seen in Maharlu. The lowest amount of nucleotide diversity in the samples belonged to Hoze Sultan, Namak and Bakhteghan and the most belonged to Urmia. In nucleotide diversity among the samples, the lowest value was observed between Hoze Sultan and Namak and the highest value was observed between Inche Borun and Shoor with Nogh. Nucleotide divergence between the samples was the lowest for the Inche Borun and shoor and the highest value for the Inche Borun and Shoor with Nogh. In the evolutionary distance between haplotypes, the highest amount belonged to Nogh and Mighan haplotypes with Inche Borun and Shoor haplotypes.**Conclusion:** The study of population separation based on the frequency of haplotypes showed a significant statistical difference, except in the comparison of Hoze Sultan with Namak and Inche Borun with shoor ($p < 0.001$), and at the haplotype level, it is possible to separate the *Artemia* population in Iran into 7 population as Hoze Sultan - Namak, Mighan, Maharlu, Bakhteghan, Nogh, Urmia and Inche Borun - Shoor was provided.

Article info

* Corresponding Author's email:
hajirostamlo@marandiau.ac.ir

Received: 21 December 2024

Reviewed: 22 January 2025

Revised: 24 March 2025

Accepted: 29 April 2025

مقاله علمی - پژوهشی

بررسی ژنوم میتوکندریایی به روش PCR-RFLP در جمعیت‌های گونه‌های آرتیمیا (Leach, 1819) در ایران

محبوبه حاجی‌رستم‌لو^{۱*}، سهراب رضوانی گیل‌کلایی^۲، سیدمحمد رضا فاطمی^۳، مجید صادقی‌زاده^۴

^۱ گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، واحد مرند، دانشگاه آزاد اسلامی، مرند، ایران

^۲ موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

^۳ گروه علوم دریایی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

^۴ گروه ژنتیک، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

کلمات کلیدی

چکیده

آرتیمیا
mtDNA
RFLP
تنوع ژنتیکی
ایران

مقدمه: آرتیمیا یا میگوی آب شور سخت پوست کوچکی است که در بخش‌های مختلفی از جهان جز در قطب شمال دیده می‌شود. این تحقیق با توجه به اهمیت مطالعات مولکولی در شناسایی جمعیت‌های یک گونه و تنوع ژنتیکی موجود در اشکال دو جنسی و بکرزای آرتیمیا (با هم و در بین جمعیت‌ها) صورت پذیرفت.

مواد و روش‌ها: نمونه برداری آرتیمیا از ۹ منطقه (دریاچه‌های شور، اینچه برون، نمک، حوض سلطان، میقان، مهارلو، بختگان، ارومیه و نوغ) انجام و ۳۱۵ نمونه مورد استخراج DNA به روش فنل-کلروفرم صورت گرفت. پرایمرها براساس توالی ژن ریبوزومال میتوکندری آرتیمیا، طراحی و PCR صورت پذیرفت. هضم آنزیمی محصول PCR با ۱۰ آنزیم (*AluI*, *Eco47I*, *HaeIII*, *HindIII*, *HinfI*, *MobI*, *MspI*, *RsaI*, *TaqI*, *EcoRI*) انجام گردید. پس از شناسایی ژنوتیپ‌ها و محاسبه هاپلوتیپ‌ها، تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی درون جمعیتی، تنوع و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت و فاصله ژنتیکی میان هاپلوتیپ‌ها با نرم‌افزار Reap آنالیز و فراوانی ناهمگنی جغرافیایی هاپلوتیپ‌ها با آزمون مربع کای و شبیه‌سازی Monte-Carlo محاسبه گردیدند.

نتایج: این مطالعه وجود ۲۵ هاپلوتیپ متفاوت شامل ۹ هاپلوتیپ در ارومیه، ۴ در شور و اینچه برون، ۴ در نوغ، ۱ در نمک و حوض سلطان، ۳ در میقان، ۱ مشترکاً در بختگان و مهارلو و ۳ در مهارلو را نشان داد. کم‌ترین تنوع هاپلوتیپی درون نمونه‌ها در حوض سلطان، نمک و بختگان و حداکثر مقدار آن در مهارلو دیده شد. کم‌ترین میزان تنوع نوکلئوتیدی درون نمونه‌ها متعلق به حوض سلطان، نمک و بختگان و بیش‌ترین متعلق به ارومیه بود. در میزان تنوع نوکلئوتیدی بین نمونه‌ها کم‌ترین مقدار بین حوض سلطان با نمک و بیش‌ترین مقدار بین اینچه برون و شور با نوغ مشاهده شد. اختلاف نوکلئوتیدی بین نمونه‌ها نیز برای اینچه برون با شور کم‌ترین و برای اینچه برون و شور با نوغ بیش‌ترین مقدار به دست آمد. در فاصله تکاملی بین هاپلوتیپ‌ها بیش‌ترین مقدار به هاپلوتیپ‌های نوغ و میقان با هاپلوتیپ‌های اینچه برون و شور متعلق بود.

بحث و نتیجه‌گیری: بررسی جدایی جمعیت‌ها براساس فراوانی هاپلوتیپ‌ها تفاوت آماری معنی‌داری را به جز در مقایسه حوض سلطان با نمک و اینچه برون با شور نشان داد ($p < 0.001$) و در سطح هاپلوتیپی امکان تفکیک جمعیتی آرتیمیا در ایران به ۷ جمعیت حوض سلطان-نمک، میقان، مهارلو، بختگان، نوغ، ارومیه و اینچه برون-شور فراهم گردید.

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول:
hajirostamlo@marandiau.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱ دی ۱۴۰۳

تاریخ داور: ۳ بهمن ۱۴۰۳

تاریخ اصلاح: ۴ فروردین ۱۴۰۴

تاریخ پذیرش: ۹ اردیبهشت ۱۴۰۴

مقدمه

آرتمیا یا میگوی آب شور (Order: Anostraca, Class: Branchiopoda) سخت پوست کوچکی است که در بخش‌های مختلفی از جهان جز در قطب شمال دیده می‌شود (۱۵). آرتمیا با سازش‌های فیزیولوژیک خاص مانند قابلیت سنتز هموگلوبین جهت جبران کمبود اکسیژن در محیط زیست، تولید سیستم‌های مقاوم برای مقابله با شرایط نامساعد محیطی، داشتن سیستم تنظیم فشار اسمزی بسیار موثر و... به زندگی در آب‌های شور و بسیار شور سازش یافته و مجموعه‌ای است از ۹ گونه دوجنسی و تعداد زیادی جمعیت‌های بکرزا (با تفاوت‌های قابل توجه از نظر دستگی یا Ploidy) که همگی تحت عنوان *Artemia partenogenetica* نامیده می‌شوند (۴، ۲۵، ۲۳، ۲۳). تولیدمثل دوجنسی به عنوان نگهدارنده تفاوت‌های ژنتیکی در بین افراد یک جمعیت، توان زیست و پراکندگی در زیستگاه‌های مختلف را فراهم می‌کند و در تغییر شرایط محیطی سرعت تکامل را بالا می‌برد، پدیده بکرزایی دارای مزیت تولید آنی و سریع است و هر دو روش به دو شیوه تخم‌گذاری و زنده‌زایی انجام می‌گیرد (۲، ۱۲). آرتمیا به جهت تنوع ژنتیکی موجود در اشکال دو جنسی و بکرزا (با هم و در بین جمعیت‌ها)، وجود گونه‌های دارای تشابه مورفولوژیکی با تفاوت‌های قابل توجهی از نظر جدایی تولیدمثلی و استراتژی دوگانه تولیدمثلی (زنده‌زایی و تخم‌گذاری) پتانسیل بالایی جهت مطالعات تکاملی دارد و اثرات ناشی از تغییر خصوصیات و ترکیبات یونی آب بر جدایی اکولوژیک جمعیت‌ها، پراکنش سیستم‌ها توسط باد، آب، پرندگان و مقاومت آن‌ها در مقابل تغییرات شرایط امکان مطالعه مقایسه‌ای جمعیت‌ها در مناطق مختلف را فراهم می‌کند (۱۳). مناطق پراکنش گونه‌های آرتمیا در مجموعه حوزه‌های آبریز دوازدهگانه کشور شامل دریاچه ارومیه در استان آذربایجان غربی (واجد گونه دوجنسی *A. urmiana*، آبگیر نوع رفسنجان در استان کرمان (واجد گونه دوجنسی *A. franciscana*)، دریاچه‌های شور و اینچه‌برون در استان گلستان، دریاچه نمک و حوض سلطان در استان قم، آبگیر میقان اراک در استان مرکزی، دریاچه‌های مهارلو و بختگان در استان فارس که همگی دارای *A. partenogenetica* می‌باشند. دریاچه ارومیه در ۲۱ کیلومتری شرق شهر ارومیه بین ۳۰' و ۳۷° عرض شمالی و ۳۱' و ۴۵° طول شرقی قرار دارد. مساحت این دریاچه در حدود ۵۷۵۰ کیلومترمربع، طول آن ۱۳۰ تا ۱۴۶ کیلومتر، عرض آن در پهن‌ترین قسمت ۵۸ کیلومتر و متوسط عمق در حدود ۶ متر است (۱۶). آبگیر نوع در ۱۲۰ کیلومتری شمال غربی شهر رفسنجان با طول جغرافیایی ۲۴' و ۶۱° شرقی و عرض ۳' و ۳۱° شمالی می‌باشد. این آبگیر در مواقع پرآبی تا سطح ۶۰ هکتار را در بر می‌گیرد و عمق متوسط آن ۱/۵ متر و حداکثر ۵ متر گزارش شده است (۱۶). دریاچه

شور بین ۲۵' و ۳۷° عرض شمالی و ۴۱' و ۵۴° طول شرقی، در شمال شهر گرگان و به فاصله ۶۰ کیلومتر از این شهر واقع شده است. این آبگیر دارای وسعت ۲۰۰ هکتار و در عمیق‌ترین نقاط در فصل تابستان تا حدود ۱/۵ متر و به طور متوسط ۰/۳ متر عمق دارد (۱۶). دریاچه اینچه برون با وسعت تقریبی ۶۰ هکتار در ۲۷' و ۳۷° عرض شمالی و ۴۴' و ۵۴° طول شرقی به فاصله ۴۵ کیلومتر از شمال شهر گرگان قرار دارد. حداکثر عمق این دریاچه ۱/۵ متر، عرض در باریک‌ترین نقطه ۲۵ متر و در پهن‌ترین نقطه ۱۰۰ متر می‌باشد (۱۶). دریاچه نمک در شمال شهر کاشان و جنوب شهر تهران با طول جغرافیایی ۳۱' و ۵۱° و عرض جغرافیایی ۲۰' و ۳۴° واقع شده است. طول این دریاچه ۸۰ کیلومتر، عرض تقریبی آن ۳۰ کیلومتر و مساحت تقریبی آن ۲۴۰۰ کیلومترمربع می‌باشد (۱۶). دریاچه حوض سلطان در شمال شهر قم و شرق شهر ساوه قرار گرفته و طول آن ۵۳' و ۵۰° و عرض آن ۵۷' و ۳۴° می‌باشد. مساحت دریاچه حوض سلطان ۱۰۶ کیلومترمربع، طول آن ۳۰ و عرض تقریبی آن ۱۵ کیلومتر می‌باشد (۱۶). آبگیر میقان در ۱۲ کیلومتری شمال شرق شهر اراک و ۴۰' و ۴۹° طول شرقی و ۵' و ۳۴° عرض شمالی قرار دارد، مساحت آن ۱۱۲ کیلومتر مربع و طول آن ۱۶ کیلومتر می‌باشد (۱۶). دریاچه مهارلو در ۲۰ کیلومتری جنوب شرق شیراز در ۱۷' و ۲۹° عرض شمالی و ۴۲' و ۵۲° طول شرقی با میانگین سطح ۶۰۰ کیلومترمربع، عمق متوسط حدود ۰/۵۵ متر، عرض ۱۵ کیلومتر و طول ۲۸ کیلومتر قرار دارد (۱۶). دریاچه بختگان در قسمت شرق شیراز قرار دارد، وسعت این دریاچه حدود ۳۱۲۰ کیلومتر مربع برآورد شده است. عمق آب دریاچه بختگان حداکثر حدود ۲ متر و به طور متوسط کم‌تر از ۴۰ سانتی‌متر بوده، طول آن حدود ۱۰۰ کیلومتر بوده در ۳۰' و ۲۹° عرض شمالی و ۵۵' و ۵۲° طول شرقی قرار گرفته است (۱۶). امروزه نشانگرهای آلوزایمی، mtDNA، ITS، RAPDs، AFLP، RFLP، SNP، DGGE و ریزماهورها از ابزارهای متداول برای شناسایی ارتباطات ژنتیکی جمعیت‌ها هستند. تکنیک PCR-RFLP نقش قابل توجهی در مطالعات مربوط به ساختار ژنومی موجودات داشته و از مطمئن‌ترین راه‌های مقایسه توالی یک ژن یا یک بخش از یک ژن خاص در میان افراد مختلف جمعیت‌های یک گونه و یا افراد متعلق به گونه‌های مختلف به‌شمار می‌رود (۱۰، ۱۴). روش RFLP به صورت موثری در بررسی ژن‌های میتوکندری مورد استفاده قرار گرفته (۴۱) و احتمال اشتباه در آن یک در میلیون است (۶) تا آن‌جا که اختلافات بنیادی در بین سویه‌های بکرزا و دوجنسی آرتمیا ناشی از یک نوکلئوتید اختلاف توسط روش RFLP کشف شده است (۲۱). در این میان ژنوم میتوکندریایی به دلایل متعدد یک سیستم عمومی ژنتیکی برای مطالعات است: ژنوم

میتوکندری در ساختار و عملکرد در مقایسه با ژنوم هسته ساده است، حاوی اطلاعاتی است که در نشانگرهای هسته‌ای ننگه‌داری نمی‌شوند، وراثت آن مادری است به‌همین دلیل و به‌دلیل نرخ سریع تکامل در اندازه‌گیری تفاوت ژنتیکی بین جمعیت‌ها کاربرد وسیعی دارد و کارایی آن به‌عنوان گزینه‌ای مناسب جهت بررسی گونه‌زایی و شناسایی جمعیت‌های آرتمیا مورد تایید قرار گرفته است (۶، ۸، ۱۰، ۲۳، ۳۰، ۴۰، ۴۲). در این مطالعه برای طراحی پرایمر از ژن rRNA ۱۶S نشان می‌دهند این ژن از پتانسیل بالایی (به‌ویژه ۳، ۹، ۱۲، ۱۴، ۲۸) نشان می‌دهند این ژن از پتانسیل بالایی (به‌ویژه در مقایسه با سایر نشانگرهای میتوکندریایی نظیر COI و ۱۲S (۳) برای نشان دادن تنوع، تفاوت و نیز شباهت ژنتیکی آرتمیا برخوردار است. تقریباً تمام مطالعات صورت گرفته در زمینه ساختار و تنوع ژنتیکی گونه‌های آرتمیا در ایران (۱۲، ۱۷، ۲۵، ۳۵، ۳۶، ۴۵) مربوط به جمعیت‌های دریاچه‌های ارومیه، مهاباد، اینچه‌برون، نمک، ورمال، نوغ، طشک و بختگان بودند که برخی از این منابع آبی (ورمال و طشک) در مطالعه حاضر فاقد نمونه‌های زنده ارزیابی شدند و سایر منابع آبی مورد مطالعه در این تحقیق، قبلاً مورد بررسی قرار نگرفته‌اند. همچنین در این مطالعات جمعیت‌های گونه‌های آرتمیا درون یک یا چند منبع آبی مورد مقایسه قرار گرفته‌اند و مطالعه‌ای که تمام منابع آبی واجد آرتمیا در کشور را در برداشته باشد و به مقایسه هر سه گونه گزارش شده از کشور پرداخته باشد، صورت نگرفته است. از سوی دیگر در برخی از مطالعات موجود (۱، ۲۵، ۴۵) نمونه‌برداری در محل دریاچه‌ها صورت نگرفته و نمونه‌ها به‌صورت سیست از بانک پژوهش‌کننده آرتمیا تهیه شده‌اند که قدمت سیستم‌ها نقش مهمی در ساختار ژنتیکی و میزان تنوع به‌دست آمده در این مطالعات دارد چرا که نتایج Asem و همکاران، نشان داده که در طی یک دهه به‌دلیل تغییر شرایط اکولوژیکی دریاچه ارومیه تنوع و ساختار ژنتیکی گونه *A. urmiana* به‌طور مشخص تغییر یافته است (۵). لذا مطالعه حاضر با هدف دستیابی به ساختار ژنتیکی، تعیین تفاوت‌ها در سطح مولکولی و جداسازی جمعیت‌های مختلف گونه‌های آرتمیا در ایران براساس PCR-RFLP با استفاده از ژن ریپوزومال مستقر بر ژنوم میتوکندریایی آرتمیا انجام گردیده است.

مواد و روش‌ها

طبق الگوی ارائه شده برای پراکنش آرتمیا در کشور نمونه‌ها از دریاچه‌های شور و اینچه‌برون در استان گلستان، دریاچه نمک و حوض سلطان در استان قم، آبگیر میقان اراک در استان مرکزی، دریاچه‌های مهاباد و بختگان در استان فارس، دریاچه ارومیه در استان

آذربایجان غربی، آبگیر نوغ در استان کرمان پس از تعیین ایستگاه جمع‌آوری گردید. در هر ایستگاه نمونه‌برداری با تور با چشمه ۱۰۰ میکرون به شکل قیف، طول یک متر و قطر ۲۵ سانتی‌متر، به‌روش کشیدن به طول ۱۰۰ متر انجام و تشخیص دوجنسی یا بکرزا بودن نمونه‌ها و شناسایی گونه‌ها براساس دستورالعمل Browne و Halanych تعیین گردید (۱۱). نمونه‌های ایستگاه‌های مختلف هر منبع آبی باهم مخلوط و پس از شستشو، در اتانول خالص فیکس و به آزمایشگاه (پژوهشکده اکولوژی دریای خزر) منتقل گردید. استخراج DNA از ۳۵ عدد آرتمیا از هر جمعیت با سانتریفوژهای متوالی و به‌روش فنل کلروفرم (۱۸) انجام و غلظت و خلوص DNA استخراجی به‌روش اسپکتروفتومتری در طول موج ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر (Smart Spec TM RF 3000 BIO-RAD) تعیین و نمونه‌های در محدوده ۱/۸ الی ۲ g/mL برای ورود به واکنش PCR انتخاب شدند. کیفیت DNA استخراجی نیز به‌روش الکتروفورز با ژل آگارز ۱٪ در بافر TBE (IX) (Cinnagen) حاوی ۰/۵ g/ml اتیدیوم بروماید (Sigma)، با استفاده از اشعه UV و سیستم مستندسازی ژل مورد ارزیابی قرار گرفت. پرایمر براساس ترادف ژن ۱۶SrRNA از ژنوم میتوکندری *A. franciscana* (۴۳) به‌طول ۱۸ باز برای دو سر ژن طراحی، مورد آنالیز با نرم‌افزارهای DNA sis و Oligo قرار گرفته و برای سنتز به شرکت MWG-Biotech (کشور آلمان) سفارش داده شد که توالی آن به‌شرح زیر است: Forward primer (ART-F): 5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC-3' Reverse primer (ART-R): 5'-CTA GGA TTA GAT ACC CTA-3' هر واکنش PCR با ۱ میکرولیتر DNA، ۲ میکرولیتر از هر یک از پرایمرها (با غلظت ۵۰ pmol که به‌صورت ۱ به ۵ با آب مقطر رقیق شده)، ۰/۵ میکرولیتر dNTP (MBI Fermentas) حاوی ۱۰ میلی‌مول از هر یک از نوکلئوتیدهای خالص dGTP، dTTP، dATP، dCTP بافری با pH = ۷/۵، ۰/۵ میکرولیتر آنزیم Taq پلی‌مراز (Cinnagen)، حاوی ۵ واحد Taq DNA Polymerase در هر میکرولیتر محلول، ۵ میکرولیتر بافر PCR (10X)، شامل ۵۰۰ Kcl میلی‌مولار و ۲۰۰ Tris-Hcl میلی‌مولار و ۲ میکرولیتر MgCl2 (Cinnagen) با غلظت ۵۰ میلی‌لیتر مولار) که حجم نهایی مجموعه با ۳۷ میکرولیتر آب مقطر (Nuclease Free) به ۵۰ میکرولیتر رسانده شده، با دستگاه ترموسایکلر (Corbett Research) طبق برنامه ذیل انجام گردید: ۴ دقیقه و ۳۰ ثانیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای واسرشته‌سازی اولیه، ۳۰ چرخه سه مرحله‌ای شامل ۱ دقیقه و ۱۵ ثانیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای واسرشته‌سازی، ۵۰ ثانیه در دمای ۵۰ درجه سانتی‌گراد برای اتصال پرایمرها و ۱ دقیقه در دمای ۷۲ درجه برای توسعه، توسعه نهایی قطعات هدف نیز با یک چرخه ۴ دقیقه‌ای در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام گردید. محصول PCR به‌روش

4.0(۲۶) آنالیز و فراوانی ناهمگنی (Heterogeneity) جغرافیایی هاپلوتیپ‌ها با آزمون مربع کای (X2) و شبیه‌سازی Monte-Carlo با هزار بار تکرار محاسبه گردیدند.

نتایج

پس از شناسایی، نمونه‌های دریاچه‌های شور، اینچه‌برون، نمک، حوض سلطان، میقان اراک، مهارلو و بختگان همگی بکرزا و از گونه *A. partenogenetica*، نمونه‌های دریاچه ارومیه دوجنسی و از گونه *A. urmiana*، نمونه‌های آبگیر نوغ دوجنسی و از گونه *A. franciscana* تشخیص داده شدند. بررسی باند DNA استخراجی با ژل آگارز ۱٪ و مشاهده تیزی و شدت باندهای تولید شده نشانگر کیفیت و کمیت قابل قبول برای استفاده در روند PCR و عدم وجود هر گونه آلودگی بود. بخش تکثیر یافته ژن ۱۶S rRNA ژنوم میتوکندری (با استفاده از آغازگرها و تکنیک PCR) بر روی ژل پلی آکریل آمید ۶٪ و در مقایسه با مارکر DNA (Marker, 3) Lambda DNA مورد بررسی قرار گرفت. طول این قطعه (تقریبی) ۱۵۶۶ جفت‌باز بود که این اندازه در تمام نمونه‌ها مشابه بوده و اثری از پدیده هتروپلاسمی در آن‌ها دیده نشد. در این بررسی محصول PCR با ۱۰ آنزیم هضم گردید. هضم آنزیمی در شرایط کاملاً مطلوب انجام پذیرفت، تمام آنزیم‌ها موجب هضم DNA شدند و باندهای قطع شده از نظر کیفیت واضح و میانگین مجموع اندازه قطعات هضم شده با محصول نهایی PCR مطابقت داشت. هضم آنزیمی نمونه‌ها با آنزیم EcoRI الگوی مشابه و تنها یک نوع ژنوتیپ را در تمامی نمونه‌ها نشان داد. ۹ آنزیم محدودگر از ۱۰ آنزیم به کار رفته (AluI, Eco47I, HaeIII, HindIII, HinfI, MobI, MspI, RsaI, TaqI) الگوی چندشکلی جمعیتی را نشان دادند. چهار آنزیم (HinfI, MobI, MspI, TaqI) برای نمونه‌های *A. urmiana*، ۸ آنزیم (AluI, Eco47I, HaeIII, HindIII, HinfI, MspI, RsaI, TaqI) برای نمونه‌های *A. partenogenetica* و ۳ آنزیم (HaeIII, MspI, RsaI) برای *A. franciscana* الگوی چندشکلی جمعیتی را نشان دادند (جدول ۱) که نشانگر محل‌های شناسایی متفاوت بر روی توالی نوکلئوتیدی ژن مزبور بودند. استفاده از این آنزیم‌ها به‌طور متوسط حدود ۱۴۹ باز آلی را روی توالی این ژن مورد مطالعه و بررسی قرار داد (جدول ۲) که با توجه به طول قطعه تکثیر شده به‌نظر می‌رسد به‌طور متوسط ۱۰٪ از کل توالی قطعه ژن تکثیر شده مورد مطالعه قرار گرفته باشد.

الکتروفورز با ژل آگارز ۱٪ مورد ارزیابی قرار گرفت و اندازه قطعات حاصل از PCR با مقایسه با مارکر DNA (Marker, 3) Lambda DNA بر روی ژل پلی آکریل آمید ۶٪ و با روش رنگ‌آمیزی با نیترات نقره به‌دست آمد. برای هر نمونه، ۷-۴ از محصول PCR با ۱۰ آنزیم شامل آنزیم‌های AluI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، EcoRI (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، Eco47I (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HaeIII (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HindIII (با جایگاه ۶ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HinfI (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، MboI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای صاف)، MspI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، RsaI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک) و TaqI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک) در درجه حرارت و مدت توصیه شده توسط شرکت سازنده (Thermo Fisher Scientific, USA) مورد هضم قرار گرفت. نمونه‌های هضم شده به انضمام ۲ میکرولیتر بافر ویژه بارگیری (Loading Buffers) (Bromophenol Blue) به‌طور جداگانه و همراه با مارکر DNA (50bp) (Ladder, MBI Fermentas) در ژل پلی آکریل آمید ۶٪ ریخته شدند. باندهای حاصل از هضم پس از طی زمان الکتروفورز (۲/۵ تا ۳ ساعت با ولتاژ ۱۰۰ تا ۱۲۰ ولت) و رنگ‌آمیزی با روش نیترات نقره قابل رویت بودند که اندازه قطعات در مقایسه با مارکر (Ladder 50bp) (DNA, MBI Fermentas) به‌دست آمد. پس از هضم آنزیمی محصول PCR توسط ۱۰ آنزیم فوق‌الذکر، ژنوتیپ‌های مربوط به هر منطقه شناسایی و بر مبنای وجود یا عدم وجود قطعات مشابه برش خورده توسط هر آنزیم، باندهای حاصل کد گذاری شدند. به‌منظور محاسبه هاپلوتیپ‌ها، ژنوتیپ به‌دست آمده برای نمونه‌ها در اثر هضم با هر آنزیم با حروف (A, B, C, D, E, ...) نامگذاری شده سپس جهت محاسبه هاپلوتیپ‌ها حروف مربوط به ژنوتیپ‌های ایجاد شده در کنار همدیگر قرار داده شده به‌طوری که تعداد حروف موجود در نمایش هاپلوتیپی نمایانگر تعداد آنزیم‌های به کار برده می‌باشد. این داده‌ها پس از موازنه یکسان صفات نوکلئوتیدی به‌منظور تعیین تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی درون جمعیتی، تنوع و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌های احتمالی و فاصله ژنتیکی میان هاپلوتیپ‌های مختلف (۲۷) با نرم‌افزار Reap (Restriction Enzyme Analysis Package, version ۱.۰) مورد ارزیابی قرار گرفت و اندازه قطعات حاصل از PCR با مقایسه با مارکر DNA (Marker, 3) Lambda DNA بر روی ژل پلی آکریل آمید ۶٪ و با روش رنگ‌آمیزی با نیترات نقره به‌دست آمد. برای هر نمونه، ۷-۴ از محصول PCR با ۱۰ آنزیم شامل آنزیم‌های AluI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، EcoRI (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، Eco47I (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HaeIII (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HindIII (با جایگاه ۶ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HinfI (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، MboI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای صاف)، MspI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، RsaI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک) و TaqI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک) در درجه حرارت و مدت توصیه شده توسط شرکت سازنده (Thermo Fisher Scientific, USA) مورد هضم قرار گرفت. نمونه‌های هضم شده به انضمام ۲ میکرولیتر بافر ویژه بارگیری (Loading Buffers) (Bromophenol Blue) به‌طور جداگانه و همراه با مارکر DNA (50bp) (Ladder, MBI Fermentas) در ژل پلی آکریل آمید ۶٪ ریخته شدند. باندهای حاصل از هضم پس از طی زمان الکتروفورز (۲/۵ تا ۳ ساعت با ولتاژ ۱۰۰ تا ۱۲۰ ولت) و رنگ‌آمیزی با روش نیترات نقره قابل رویت بودند که اندازه قطعات در مقایسه با مارکر (Ladder 50bp) (DNA, MBI Fermentas) به‌دست آمد. پس از هضم آنزیمی محصول PCR توسط ۱۰ آنزیم فوق‌الذکر، ژنوتیپ‌های مربوط به هر منطقه شناسایی و بر مبنای وجود یا عدم وجود قطعات مشابه برش خورده توسط هر آنزیم، باندهای حاصل کد گذاری شدند. به‌منظور محاسبه هاپلوتیپ‌ها، ژنوتیپ به‌دست آمده برای نمونه‌ها در اثر هضم با هر آنزیم با حروف (A, B, C, D, E, ...) نامگذاری شده سپس جهت محاسبه هاپلوتیپ‌ها حروف مربوط به ژنوتیپ‌های ایجاد شده در کنار همدیگر قرار داده شده به‌طوری که تعداد حروف موجود در نمایش هاپلوتیپی نمایانگر تعداد آنزیم‌های به کار برده می‌باشد. این داده‌ها پس از موازنه یکسان صفات نوکلئوتیدی به‌منظور تعیین تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی درون جمعیتی، تنوع و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌های احتمالی و فاصله ژنتیکی میان هاپلوتیپ‌های مختلف (۲۷) با نرم‌افزار Reap (Restriction Enzyme Analysis Package, version ۱.۰) مورد ارزیابی قرار گرفت و اندازه قطعات حاصل از PCR با مقایسه با مارکر DNA (Marker, 3) Lambda DNA بر روی ژل پلی آکریل آمید ۶٪ و با روش رنگ‌آمیزی با نیترات نقره به‌دست آمد. برای هر نمونه، ۷-۴ از محصول PCR با ۱۰ آنزیم شامل آنزیم‌های AluI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، EcoRI (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، Eco47I (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HaeIII (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HindIII (با جایگاه ۶ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، HinfI (با جایگاه ۵ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، MboI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای صاف)، MspI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک)، RsaI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک) و TaqI (با جایگاه ۴ جفت‌بازی برای برش و ایجاد انتهای چسبناک) در درجه حرارت و مدت توصیه شده توسط شرکت سازنده (Thermo Fisher Scientific, USA) مورد هضم قرار گرفت. نمونه‌های هضم شده به انضمام ۲ میکرولیتر بافر ویژه بارگیری (Loading Buffers) (Bromophenol Blue) به‌طور جداگانه و همراه با مارکر DNA (50bp) (Ladder, MBI Fermentas) در ژل پلی آکریل آمید ۶٪ ریخته شدند.

جدول ۱: الگوی هضم آنزیمی محصول PCR با آنزیم‌های پلی‌مورفیک

توزیع الگوی چندشکلی در میان جمعیت‌ها							نوع	ارومیه	ژنوتیپ‌ها	آنزیم‌های محدودگر
حوض سلطان	نمک	میقان	مه‌ارلو	بختگان	شور	اینچه‌برون				
<i>A.parthenogenetica</i>							<i>A.franciscana</i>	<i>A.urmiana</i>		
A	A	A,B	A,B	A	A	A	C,D	A,E,F,G,H	A,B,C,D,E,F,G,H	<i>Msp I</i>
A	A	C	A,B	B	A,B	A,B	D	A,E,F,G,H	A,B,C,D,E,F,G,H	<i>Hinf I</i>
A	A	B	A	A	A	A	B	A	A,B	<i>Hind III</i>
A	A	C	A	A	B	B	C	A	A,B,C	<i>Eco47 I</i>
A	A	B	A	A	A	A	C	A	A,B,C	<i>Alu I</i>
A	A	A	A	A	A	A	B	A,C,D,E	A,B,C,D,E	<i>MboI</i>
A	A	A	A	A	A,B	A,B	A,C	A	A,B,C	<i>Hae III</i>
A	A	A,B	A	A	A	A	A,B	A	A,B	<i>Rsa I</i>
A	A	B	A,B	B	A,B	A,B	C	D,E	A,B,C,D,E	<i>Taq I</i>

جدول ۲: محاسبه تعداد نوکلئوتیدهای بررسی شده از ژن مورد

مطالعه با روش RFLP		
میانگین تعداد	میانگین تعداد	کلاس
بازهای بررسی شده	قطعات	آنزیمی
۱۰۱/۹۲	۲۵/۴۸	۴/۰
۰/۰۰	۰/۰۰	۴/۶
۳۰/۶۰	۶/۱۲	۵/۰
۰/۰۰	۰/۰۰	۵/۳

به ترتیب بین جمعیت‌های اینچه‌برون با دریاچه شور (۰/۰۲/-) و جمعیت‌های اینچه‌برون و دریاچه شور با نوغ (۰/۱۶/۱۸) دیده شد، میانگین اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌ها نیز ۴/۲٪ محاسبه گردید. فاصله ژنتیکی میان ۲۵ هاپلوتیپ حاصل از آنالیز RFLP در جدول ۵ ارائه شده است. بیش‌ترین فاصله ژنتیکی بین هاپلوتیپ شماره ۵ (مشترک در اینچه‌برون و شور) با شماره ۱۷ (نوغ) به میزان ۰/۱۶۰۲ می‌باشد. در مجموع بیش‌ترین فاصله ژنتیکی به هاپلوتیپ‌های مختلف نوغ و میقان با هاپلوتیپ‌های اینچه‌برون و شور تعلق دارد. محاسبه میزان X^2 فراوانی ناهمگنی جغرافیایی پراکنش هاپلوتیپ‌ها بین جمعیت‌های مورد مطالعه نشان داد که جز جمعیت‌های دریاچه نمک با حوض سلطان به دلیل عدم مشاهده آنزیم پلی‌مورفیک و یکسان بودن هاپلوتیپ‌های حاصل و نیز دریاچه اینچه‌برون با دریاچه شور که تفاوت معنی‌داری بین پراکنش هاپلوتیپ‌های آن‌ها مشاهده نمی‌شود ($X^2=15/27$, $P \geq 0/001$). در سایر مقایسه‌ها جمعیت‌ها دارای تفاوت معنی‌داری در فراوانی هاپلوتیپ‌ها هستند ($P \leq 0/001$). در مجموع با توجه به مقادیر X^2 محاسبه شده و تفاوت‌های موجود در سطح هاپلوتیپی، مدارک کافی برای تفکیک جمعیتی آرتیمیا در ایران به ۷ جمعیت جدا شامل جمعیت حوض سلطان-نمک، میقان اراک، مه‌ارلو، بختگان، نوغ، ارومیه و اینچه‌برون-شور در اختیار قرار گرفت.

آنالیز RFLP از مجموع نهایی ژنوتیپ‌های حاصله برای ۹ آنزیم پلی‌مورفیک ۲۵ هاپلوتیپ متفاوت در جمعیت‌های مورد بررسی را نشان داد که همراه با فراوانی در جدول ۴ ملاحظه می‌گردند. کم‌ترین مقدار تنوع هاپلوتیپی درون جمعیتی در جمعیت‌های حوض سلطان، دریاچه نمک و بختگان و حداکثر مقدار آن در مه‌ارلو، هم‌چنین کم‌ترین مقدار تنوع هاپلوتیپی درون گونه‌ای در *A. partenogenetica* و حداکثر مقدار آن در *A. urmiana* دیده شد (جدول ۳). کم‌ترین تنوع نوکلئوتیدی درون جمعیتی متعلق به جمعیت‌های حوض سلطان، دریاچه نمک و بختگان و بیش‌ترین تنوع متعلق به ارومیه بوده و کم‌ترین تنوع نوکلئوتیدی درون گونه‌ای در *A. partenogenetica* و بیش‌ترین مقدار در *A. urmiana* مشاهده گردید (جدول ۳). در میزان تنوع نوکلئوتیدی بین جمعیت‌های مورد بررسی هم‌چنان‌که در جدول ۴ آمده است کم‌ترین مقدار بین جمعیت‌های حوض سلطان و دریاچه نمک و بیش‌ترین مقدار بین جمعیت‌های اینچه‌برون و دریاچه شور بانوگ مشاهده شد، میانگین تنوع نوکلئوتیدی بین جمعیت‌ها نیز ۴/۷ درصد محاسبه گردید. در محاسبه اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌های مورد بررسی (جدول ۴) حداقل و حداکثر اختلاف نوکلئوتیدی

جدول ۳: هاپلوتیپ‌های حاصل از هضم آنزیمی، پراکنش و فراوانی آن‌ها: تعداد نمونه‌ها (N)، تنوع هاپلوتیپی درون جمعیتی (h) و انحراف معیار، تنوع هاپلوتیپی درون گونه‌ای (h') و انحراف معیار، درصد تنوع نوکلئوتیدی درون جمعیتی (n)، درصد تنوع نوکلئوتیدی درون گونه‌ای (n')، تعداد کل هاپلوتیپ‌ها (T)

<i>A. Urmiana</i>		<i>A. franciscana</i>		<i>A. parthenogenetica</i>					هاپلوتیپ
ارومیه	نوع	حوض سلطان	نمک	میقان	مهارلو	بختگان	شور	اینچه برون	
.	.	.	.	.	.	.	۳۵ (۱)	۳۵ (۱)	AAAAAAAAA (H1)
.	.	.	.	.	۷(۰/۲۰)	.	.	.	AAAAAAAAAB (H2)
.	.	۱۰(۰/۲۸)	۱۰(۰/۲۸)	.	.	.	.	.	AAABAAAAA (H3)
.	.	.	.	.	(۰/۵۴)	.	.	.	ABAAAAAAA (H4)
.	.	.	.	.	۱۹	.	.	.	
.	.	۴(۰/۱۱)	۴(۰/۱۱)	.	.	.	.	.	AAABAABAA (H5)
.	.	.	.	۳۵ (۱)	۷(۰/۲۰)	.	.	.	ABAAAAAAB (H6)
.	.	۱۲(۰/۳۴)	۱۲(۰/۳۴)	.	.	.	.	.	ABABAAAAA (H7)
.	.	۹(۰/۲۵)	۹(۰/۲۵)	.	.	.	.	.	AAABAABAB (H8)
.	.	.	.	.	.	۵(۰/۵۴)	.	.	ACBCBAAAB (H9)
۲۰(۰/۵۷)	.	.	.	.	.	.	.	.	AAAAAAAAD (H10)
.	.	.	.	.	۲(۰/۰۵)	.	.	.	BBAAAAAAA H(11)
.	.	.	.	.	.	(۰/۵۴)	.	.	
.	.	.	.	.	.	۱۹	.	.	BCBCBAAAB (H12)
.	.	.	.	.	.	(۰/۳۱)	.	.	
.	.	.	.	.	.	۱۱	.	.	BCBCBAABB (H13)
.	۳(۰/۰۸)	.	.	.	.	.	.	.	CDBCCBAAC (H14)
.	۸(۰/۲۲)	.	.	.	.	.	.	.	DDBCCBAAC (H15)
.	۱(۰/۰۲)	.	.	.	.	.	.	.	DDBCCBCAC (H16)
.	۲۳(۰/۶۵)	.	.	.	.	.	.	.	DDBCCBCBC (H17)
۲(۰/۰۵)	.	.	.	.	.	.	.	.	EAAAAAAD (H18)
۱(۰/۰۲)	.	.	.	.	.	.	.	.	EAAAAAAD (H19)
۱(۰/۰۲)	.	.	.	.	.	.	.	.	FEAAAAAAD (H20)
۱(۰/۰۲)	.	.	.	.	.	.	.	.	FEAAAAAAD (H21)
۱(۰/۰۲)	.	.	.	.	.	.	.	.	FFAAAAEAAE (H22)
۱(۰/۰۲)	.	.	.	.	.	.	.	.	GFAAAEAAE (H23)
۴(۰/۱۱)	.	.	.	.	.	.	.	.	GGAAAEAAE (H24)
۴(۰/۱۱)	.	.	.	.	.	.	.	.	HHAAAEAAE (H25)
۳۵	۳۵	۳۵	۳۵	۳۵	۳۵	۳۵	۳۵	۳۵	N
۰/۶۷۱	۰/۵۱۲	۰/۷۴۲	۰/۷۴۲	۰/۰۰۰	۰/۷۵۷	۰/۶۰۶	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	h
۹/۱۶	۸/۷۴	۳/۲۰	۳/۲۰	۰/۰۰	۴/۱۷	۵/۶۲	۰/۰۰	۰/۰۰	SE (%)
۰/۶۷۱	۰/۵۱۲				۰/۴۰۶				h'
۹/۱۶	۸/۷۴				۳/۸				SE (%)
۰/۹۸	۰/۸۱	۰/۵۵	۰/۵۵	۰/۰۰	۰/۸۰	۰/۸۳	۰/۰۰	۰/۰۰	n (%)
۰/۹۸	۰/۸۱				۰/۳۹				n' (%)
۹	۴	۴	۴	۱	۴	۳	۱	۱	T

بحث

یکی از راه‌های بررسی ساختار ژنتیکی آبزیان، شناسایی تحولات درون گونه‌ای و ویژگی‌های جمعیتی می‌باشد. امروزه هدف اصلی آزمایشات ژنتیک مولکولی در آبزیان، آنالیز ساختار جمعیتی، تنوع ژنتیکی، ارتباطات گونه‌ای، سیستماتیک و طبقه‌بندی آن‌ها می‌باشد (۲۰، ۳۴). در زمینه ژنتیک مولکولی ره یافت‌های مختلفی ارائه شده است که به‌واسطه آن‌ها بررسی ساختار ژنتیکی و شناسایی جمعیت‌های ژنتیکی فراهم گردیده است از آن جمله می‌توان به روش PCR-RFLP اشاره نمود که می‌تواند جهت دستیابی به شاخص تفکیکی بین جمعیت‌ها و روابط ژنتیکی موجود بین گونه‌ها به کار برده شود (۱۴). در مطالعات مقایسه‌ای در بی‌مهرگان، از آرتمیا به‌عنوان الگوی تکاملی استفاده می‌شود، از فواید استفاده از آرتمیا قابلیت دسترسی، هزینه نسبتاً پایین نمونه، آدپتاسیون سریع با شرایط آزمایشگاهی و آگاهی از جنبه بیوشیمیایی ارگانسیم می‌باشد (۱۲). در طول سال‌ها، تجزیه و تحلیل 16S rRNA-RFLP ثابت کرده است که تکنیکی قابل اعتماد و مقرون به صرفه برای غربالگری ژنتیکی جمعیت آرتمیا است (۹). بررسی گونه‌ها در جنس آرتمیا براساس آنالیز DNA میتوکندریایی در نمونه‌های دوجنسی *A. franciscana* و *A. Salina* و دو جمعیت پارتنوز از کشور اسپانیا (۳۰) میزان بالای اختلاف در سطح نوکلئوتیدی را نشان داد (به‌طور متوسط ۱۵٪). فاصله ژنتیکی بین دو جمعیت *A. partenogenetica* بالا بوده و آن‌ها ارتباط واضحی را با هیچ کدام از نمونه‌های دوجنسی نشان ندادند. این محققین هم‌چنین وجود پلی‌مورفیسم در نمونه‌های *A. franciscana* را گزارش نمودند. استفاده هم‌زمان از مارکرهای مولکولی و نشانگرهای مورفولوژیک در این تحقیق نشان داد که تمام نمونه‌های آرتمیای مورد مطالعه حتی آرتمیاهای پارتنوز به جمعیت‌های متفاوت تعلق داشتند. نگاهی به اعداد جداول ۵ و ۶ نیز از وجود اختلاف نوکلئوتیدی و فاصله ژنتیکی قابل توجه در سطح ژنوم میتوکندریایی بین جمعیت‌های دوجنسی و پارتنوز آرتمیا در ایران حکایت دارد. Kappas و همکاران، در مطالعه DNA میتوکندریایی *A. franciscana* به روش RFLP در جمعیت‌های ویتنام، تنوع هاپلوتیپی درون جمعیتی را به‌طور میانگین ۳۱۹/۰ و تنوع نوکلئوتیدی درون جمعیتی را ۳۹/۰ به دست آوردند. آن‌ها تنوع نوکلئوتیدی بین جمعیت‌ها را ۰/۰۲ و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌های مورد بررسی را نیز ۰/۰۰۰۰۸ گزارش کردند که نتایج به‌دست آمده برای جمعیت *A. franciscana* در این مطالعه نیز نشانگر وجود تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی درون جمعیتی و تنوع و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیتی قابل توجهی می‌باشد. در سال ۲۰۰۴ جمعیت‌های آرتمیای موجود در شیلی توسط Gajardo و همکاران

براساس آنالیز RFLP mtDNA بررسی و تنوع بین نمونه‌های *A. franciscana* را ۱/۵٪ برآورد نمودند (۱۴) که با نتایج تحقیق حاضر در خصوص نمونه‌های آبگیر نوغ هم‌سو می‌باشد، گرچه تفاوت در شرایط زیست‌محیطی بر مقدار عددی پارامترهای بررسی شده تأثیرگذار هستند و وجود تفاوت‌های مقداری احتراز ناپذیر است. Baxevonis و همکاران با استفاده از نشانگر PCR-RFLP ژن 16S rRNA را در آرتمیاهای دوجنسی را مورد مطالعه قرار دادند و تنوع درون گونه‌ای در *A. franciscana* را ۰/۰۷۵٪ و در *A. urmiana* را ۰/۰۸٪ گزارش کردند (۷). آن‌ها هم‌چنین در سال ۲۰۱۴ با مطالعه ۲۷ جمعیت آرتمیا در جنوب آفریقا براساس RFLP 16S rRNA ضمن گزارش وجود همزیستی نمونه‌های دوجنسی و بکرزا، تنوع هاپلوتیپی درون جمعیتی را بین ۰/۰۲۲ تا ۰/۰۹۳٪ مشاهده نمودند (۹)، که نتایج مطالعه حاضر با هر دو مطالعه هم‌راستا می‌باشد و به‌نظر می‌رسد تفاوت در اعداد به تفاوت در گونه‌ها و شرایط اقلیمی حاکم بر اکوسیستم‌های مورد مطالعه برمی‌گردد. در مطالعه تنوع ژنوم mt DNA و با تکنیک PCR-RFLP در جمعیت‌های بالغ *A. urmiana*، ۴ آنزیم از ۱۱ آنزیم‌های استفاده شده پلی‌مورفیسم جمعیتی را نشان دادند و میانگین تنوع درون جمعیتی آرتمیا ۵۶/۰٪ به دست آمد (۱۲). با توجه به تشابه در روش و ژن مورد مطالعه، تعداد آنزیم‌های پلی‌مورفیک و فراوانی هاپلوتیپ‌ها و مقدار عددی تنوع گزارش شده با مطالعه حاضر مطابقت دارد. Manaffar و همکاران، با استفاده از نشانگر RFLP به مطالعه اگزون شماره ۷ از زیر واحد 2 ژن Na/K ATPase پرداخته و ضمن گزارش وجود اختلاف یک SNP بین آرتمیاهای دو جنسی و پارتنوز، با بررسی فاصله ژنتیکی بین آرتمیاهای دو جنسی و پارتنوز کم‌ترین فاصله ژنتیکی را بین *A. urmiana* با جمعیت‌های پارتنوز گزارش نمودند (۲۱) که علی‌رغم تفاوت در ژن مورد مطالعه نتایج تحقیق حاضر به جهت نزدیکی ژنتیکی *A. urmiana* و جمعیت‌های پارتنوز هم‌راستا با مطالعه ایشان می‌باشد. در مطالعه جمعیت آرتمیای موجود در نمک زارهای ساحلی کنیا Ogello و همکاران، براساس آنالیز PCR-RFLP قطعه‌ای از ناحیه 12S-16S ژنوم میتوکندریایی، تنوع هاپلوتیپی درون جمعیتی را برای تمام جمعیت‌ها به جز یک جمعیت (که مقدارش ۰/۷۶ بود) برابر با صفر مشاهده کردند، وجود هاپلوتیپ‌های منحصر به فرد در جمعیت‌های مورد مطالعه در این تحقیق به‌عنوان شواهدی از وجود تمایز ژنتیکی گزارش گردید (۲۸). وجود نتایج مشابه در خصوص جمعیت‌های ایران با توجه به تشابه قطعه ژن و روش آنالیز منطقی به نظر می‌رسد و مشابه با تحقیق فوق وجود هاپلوتیپ‌های منحصر به فرد را می‌توان دلیل وجود تمایز ژنتیکی در برخی از جمعیت‌ها نظیر ارومیه دانست. Subramani و همکاران در مطالعه تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی *A. franciscana* در جمعیت‌های

سواحل جنوبی هند براساس آنالیز ناحیه CR ژنوم میتوکندریایی به روش توالی‌یابی میانگین تنوع هاپلو تیپی و نوکلئوتیدی در جمعیت‌های مورد مطالعه را به ترتیب ۰/۷۴ و ۹/۰۱۲ و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌ها را بین ۰/۰۳ تا ۰/۱۶ نشان دادند. آن‌ها هم چنین وجود هاپلو تیپ‌های منحصر به فرد را در جمعیت‌های بررسی شده گزارش نمودند (۴۰) که با نتایج حاضر در خصوص نمونه‌های آبیگر نوق مطابقت دارد. Hami Tabari و همکاران، در تعیین ساختار ژنتیکی جمعیت آرتمیای دریاچه اینچه برون از ژن COI و روش PCR-RFLP استفاده کرده و با محاسبه تنوع هاپلو تیپی درون جمعیتی (بین ۰/۵۷۱ تا ۰/۵۸۸)، تنوع نوکلئوتیدی درون جمعیتی (بین ۰/۰۱۵ تا ۰/۰۲۴)، تنوع نوکلئوتیدی بین جمعیتی (۰/۰۲۳۳) و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیتی (۰/۰۰۱۶) و نیز عدم وجود اختلاف معنی‌دار در فراوانی هاپلو تیپ‌ها نتیجه گرفتند که آرتمیا در این دریاچه دارای جمعیت واحد می‌باشد (۱۷). گرچه گذشت زمان و سخت شدن شرایط اقلیمی حاکم بر اکوسیستم که باعث کاهش تنوع در درون جمعیت‌ها می‌شود (۴۳) را می‌توان دلیل تفاوت در میزان تنوع و اختلاف گزارش شده در این تحقیق و مطالعه فوق دانست ولی نقش نوع ژن به کار رفته جهت مطالعه در بروز تفاوت در نتایج مطالعه حاضر و تحقیق فوق قابل اغماض نیست. تنوع ژنتیکی سیستم‌های مربوط به جمعیت *A. urmiana* از دریاچه ارومیه و *A. franciscana* از آبیگر نوغ (تهیه شده از بانک سیستم پژوهشکده آرتمیا) توسط Zeinalpour و همکاران، به کمک ریزماهواره‌ها بررسی گردید. این محققین با محاسبه تعداد آلل‌ها و محتوای اطلاعات چندشکلی (به ترتیب گونه‌ها ۳، ۵۴۲۱ و ۲/۵ و ۳۸۳۳) و محاسبه میانگین ناهمگنی (به ترتیب گونه‌ها ۰/۶۲۰۹ و ۰/۴۰۳۱) دریافتند که این جمعیت‌ها از ترکیب ژنتیکی مناسبی برخوردار هستند (۴۵). علی‌رغم تفاوت در روش مطالعه وجود تنوع ژنتیکی در بین نمونه‌های دو جنسی آرتمیای کشور را می‌توان وجه مشترک مطالعه حاضر و مطالعه فوق دانست. Agh و همکاران به مطالعه سیستم‌های یک جمعیت دوجنسی و پنج جمعیت پارتنوژن در ایران (تهیه شده از بانک سیستم پژوهشکده آرتمیا) پرداخته و آن‌ها را به جهت ویژگی‌های ژنتیکی و مورفومتریکی مقایسه کردند. مطالعات ژنتیکی آن‌ها که روی قطعه‌ای ۱۵۰۰ جفت بازی از ژنوم میتوکندریایی به روش RFLP با دو آنزیم *HpaII* و *NaeII* انجام شده الگوی مشابه برای تمام جمعیت‌های مورد مطالعه را نشان داد و تفاوتی بین آن‌ها گزارش نگردید (۱). گرچه تفاوت در شرایط اقلیمی حاکم بر اکوسیستم آرتمیا در بازه‌های زمانی مختلف می‌تواند بر میزان تفاوت‌های ژنتیکی موثر باشد (۴۵) ولی تعداد کم آنزیم‌های به کار رفته در مطالعه از یک سو و استفاده از سیستم‌ها که ممکن است مدت طولانی از نگه‌داری آن‌ها گذشته باشد

حسب نظر Asem و همکاران، می‌تواند بر تفاوت نتایج مطالعه فوق و مطالعه حاضر موثر باشد (۵). چهار نشانگر مولکولی شامل ژن‌های Na/K ATPase و 2S-16S (با روش PCR-RFLP) و دو ناحیه COI و HSP26 را به روش تعیین توالی در نمونه‌های غیربومی و دوجنسی دریاچه طشک و بختگان مورد بررسی قرار گرفتند. Shafaie و همکاران، ضمن تاکید بر توانایی روش‌های مولکولی استفاده شده جهت شناسایی، گونه غیربومی را به عنوان *A. franciscana* شناسایی نمودند. مشابه با گزارش فوق در مطالعه حاضر نیز مشاهده گردید روش PCR-RFLP و ژن 16S قادر به شناسایی گونه *A. franciscana* می‌باشد ولی از آن‌جا که هدف مطالعه حاضر بررسی جمعیت‌های بومی منابع آبی کشور بود نمونه‌های پارتنوژن و بومی این منبع آبی در مطالعه لحاظ شدند. در سال ۲۰۱۴، Moosavi Toomatari و همکاران با استفاده از اگزون شماره ۷ از ژن Na/K ATPase، به بررسی تنوع ژنتیکی در سیستم‌های مربوط به جمعیت‌های آرتمیا در دریاچه‌های ارومیه، اینچه برون و مهارلو (تهیه شده از بانک سیستم پژوهشکده آرتمیا) در مقایسه با دو جمعیت غیربومی *A. franciscana* و *A. sinica* به روش‌های PCR-RFLP و DGGE پرداختند. آن‌ها با محاسبه فاصله ژنتیکی، کم‌ترین مقدار را بین *A. urmiana* و نمونه‌های پارتنوژن (۰/۰۲۳ و ۰/۲۹۲) و بالاترین فاصله را بین *A. franciscana* و *A. sinica* (۰/۷۲۶) گزارش کردند (۲۵). علی‌رغم تفاوت در ژن مورد مطالعه، در تحقیق حاضر نیز گونه دوجنسی *A. urmiana* در مقایسه با *A. franciscana* دارای فاصله ژنتیکی کم‌تری نسبت به نمونه‌های پارتنوژن مشاهده شده است. طبق نتایج مطالعه حاضر، میزان فراوانی هاپلو تیپ غالب در مناطق مختلف یکسان نیست و وجود تعداد فراوان هاپلو تیپ نشان می‌دهد که تنوع در ژنوم میتوکندریایی آرتمیا در مناطق مورد مطالعه بالا است. این نتیجه با آن‌چه که برای موجودات با قابلیت پراکنش وسیع بیان شده است مشابهت دارد (۱۴). میزان تنوع هاپلو تیپی درون جمعیتی در نمونه‌های جمع‌آوری شده از جمعیت‌های موجود در مناطق مختلف محاسبه گردیده است (جدول ۴). تراز تنوع هاپلو تیپ می‌تواند از صفر (تمام افراد جمعیت دارای هاپلو تیپ یکسان) تا یک (همه افراد جمعیت دارای هاپلو تیپ‌های متفاوت) متغیر باشد. همان‌طور که قبلاً ذکر شد با آن‌که تنوع‌پذیری mt DNA در جمعیت‌های مورد مطالعه بالا است، به نظر می‌رسد در تعدادی از مناطق وجود جمعیت‌های مشابه و گاهی یک‌دست و یکنواخت طبق نظر Silberman و همکاران، ناشی از عواملی نظیر چرخه زندگی کوتاه و پراکنش وسیع آرتمیا توسط عواملی نظیر باد (که می‌توانند از زیر تقسیم ژنتیکی بین جمعیت‌ها جلوگیری کنند) باشد و گرچه فاصله اندک بین تعدادی از مناطق مورد مطالعه خود عامل دیگری برای همگنی ژنتیکی است، نقش پرندگان مهاجر را نیز به عنوان فاکتور اصلی همگن نمودن

جمعیت‌های مناطق مورد مطالعه مشاهده می‌شود.

نتیجه‌گیری: براساس نتایج حاصل به نظر می‌رسد به جهت تفاوت‌های اقلیمی محیط و تفاوت‌های فیزیکی‌شیمیایی آب، مناطق مختلف کشور جمعیت‌های متفاوتی از آرتمیا را در خود جای داده‌اند. بنابراین برای اولین بار در کشور وجود ۷ جمعیت متفاوت آرتمیا شامل جمعیت حوض سلطان - نمک، جمعیت میقان اراک، جمعیت مهارلو، جمعیت بختگان، جمعیت نوغ، جمعیت اینچه برون - شور و جمعیت ارومیه گزارش می‌گردد.

تشکر و قدردانی

این تحقیق با همکاری و حمایت مالی موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور انجام شده است.

منابع

1. Agh, N., Bossier, P., Abatzopoulos, T.J., Beardmore, J.A., Van Stappen, G., Mohammadyari, A., Rahimian, H. and Sorgeloos, P., 2009. Morphometric and preliminary genetic characteristics of *Artemia* populations from Iran, international review. *Hydrobiology*. 94(2): 194-207. doi: 10.1002/iroh.200811077.
2. Asem, A. and Rastegar-Pouyani, N., 2008. Morphological differentiation of *Artemia urmiana* Günther, 1899 (Crustacea: Anostraca) in different geographical stations from the Urmia Lake, Iran. *Research Journal of Biological Sciences*. 3(2): 222-228. ISSN: 1815-8846
3. Asem, A., Eimanifar, A. and Sun, S.C., 2016. Genetic variation and evolutionary origins of parthenogenetic *Artemia* (Crustacea: Anostraca) with different ploidies. *Zoologica Scripta*. 45: 421-436. doi: 10.1111/zsc.12162
4. Asem, A., Eimanifar, A., Li, W., Wang, P.Z., Brook, S.A. and Wink, M., 2018. Phylogeography and population genetic structure of an exotic invasive brine shrimp, *Artemia* Leach, 1819 (Crustacea: Anostraca), in Australia. *Australian Journal of Zoology*. 66: 307-316. doi: 10.1071/ZO18077
5. Asem, A., Eimanifar, A., Van Stappen, G. and Sun, S.C., 2019. The impact of one-decade ecological disturbance on genetic changes: a study on the brine shrimp *Artemia urmiana* from Urmia Lake, Iran. *Peer J-life & environment*. 7: e7190. 10.7717/peerj.7190
6. Avise, J.C., 2004. Molecular markers, natural history and evolution. Massachusetts: Sinauer Associates Inc Publishers.
7. Baxevanis, A.D., Triantaphyllidis, G.V., Kappas, I., Triantaphyllidis, I., Triantaphyllidis, D.C. and Abatzopoulos, T.J., 2005. Evolutionary assessment of *Artemia tibetiana* (Crustacea, Anostraca) based on morphometry and 16S rRNA RFLP analysis. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*. 43: 189-198. doi: 10.1111/j.1439-0469.2005.00309.x
8. Baxevanis, A.D., Kappas, I. and Abatzopoulos, T.J., 2006. Molecular phylogenetics and asexuality in the brine shrimp *Artemia*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*.

پراکنش جمعیت‌ها نباید از نظر دور داشت (۳۲). مشخص شده است که اگر دو کمیت برابر باشند شاخص تنوع ژنی آن‌ها صفر یا نزدیک به صفر خواهد بود (۳۰)، لذا عدم وجود تنوع نوکلئوتیدی در جمعیت‌های حوض سلطان و دریاچه نمک ممکن است نمایانگر این مطلب باشد که این نمونه‌ها از یک ذخیره ژنتیکی واحد (افراد مربوط به یک جمعیت) برداشته شده‌اند (۳۹). از سوی دیگر معنی‌دار بودن تفاوت‌های عددی در میزان تنوع و اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌ها دلیل بر محدود بودن جریان ژنی بین آن‌هاست (۲۹)، بنابراین عدم وجود تفاوت در تنوع و اختلاف نوکلئوتیدی حوض سلطان و دریاچه نمک نیز به دلیل جریان ژنی بین این جمعیت‌ها در مناطق پراکنش آن‌ها بوده و یا این‌که چون این نمونه‌ها جمعیت‌هایی قدیمی محسوب می‌شوند بنابراین به ثبات ژنتیکی رسیده و به اندازه سایر هاپلوتیپ‌ها پویا نمی‌باشند. لازم به ذکر است که عدد صفر نشانگر عدم وجود تنوع نوکلئوتیدی یا هاپلوتیپی درون یا میان جمعیت‌های مورد مطالعه و علامت منفی بعضی از ارقام مربوط به میزان اختلاف نوکلئوتیدی بین جمعیت‌ها نمایانگر آن است که مقدار تنوع بین این جمعیت‌ها بزرگ‌تر از اختلاف بین آن‌ها بوده و بنابراین جدایی اندکی میان این جمعیت‌ها به چشم می‌خورد (۴۴). نتایج حاصل از هضم آنزیمی هم‌چنین نشانگر وجود تفاوت‌های قابل ملاحظه بین نمونه‌های نوغ و سایر مناطق و شباهت‌های قابل مقایسه با گونه‌ای که طراحی پرایمر از ژنوم آن صورت گرفته (آرتمیافرانسیسکانا) می‌باشد که نشانگر حضور این گونه خارجی در این آبگیر است. چنان‌که در جدول ۶ ملاحظه می‌گردد در برخی موارد میان جمعیت‌هایی که از لحاظ خصوصیات ظاهری، تولیدمثلی، زیستگاهی و... مجزا هستند فاصله ژنتیکی اندکی وجود دارد. به عنوان مثال می‌توان به فاصله ژنتیکی کوتاه در هاپلوتیپ‌های ۱ (مشترک در حوض سلطان و دریاچه نمک) و ۳ (از مهارلو) اشاره کرد. این امر احتمالاً می‌تواند مبین این مطلب باشد که ایجاد فاصله ژنتیکی بسیار اندک برای تمایز هاپلوتیپ‌ها از یکدیگر کفایت می‌نماید (۳۴). از طرفی ملاحظه می‌گردد که در میان هاپلوتیپ‌های گوناگون یک جمعیت فاصله ژنتیکی قابل توجه وجود دارد به عنوان مثال می‌توان به فاصله هاپلوتیپ‌های ۲۰ و ۲۵ ارومیه اشاره کرد. این مطلب احتمالاً بر این امر دلالت دارد که این جمعیت‌ها، جمعیت‌هایی پویا و در حال تغییر و تبدیل هستند لذا هنوز به یکنواختی و ثبات ژنتیکی نرسیده‌اند (۳۴)، البته اعداد مربوط به تنوع هاپلوتیپی و تنوع نوکلئوتیدی که در جدول ۴ ذکر گشتند نیز موید همین مطلب بودند. آنالیز X^2 برای سنجش ناهمگنی پراکنش هاپلوتیپ‌ها در بیش‌تر مناطق (جز نمونه‌های حوض سلطان و نمک، اینچه برون و شور که جمعیت‌های یکسانی هستند) اختلاف معنی‌داری را نشان داده بنابراین در سطح هاپلوتیپی مدارک کافی از جدایی

23. Kornfield, J., 1991. REAP, The restriction enzyme analyses package, version 4.0. Orono: University of Maine.
24. Mohebbi, F., Dadashpour, B., Seidgar, M., Alizadeh Osalou, Zh. and Rouhdad Golmankhaneh, Y., 2022. The effect of Urmia Lake water withdrawal on *Artemia urmiana* population structure. *Journal of Animal Environment*. 13(4): 329-336. doi: 10.22034/AEJ.2020.252122.2373 (In Persian)
25. Mondal, D. and Mandal, N., 2020. Molecular phylogeny of mitochondrial DNA: shrimp species identification by multiplex and real-time PCR. *Food Control*. 108: 106868. doi: 10.1016/j.foodcont.2019.106868
26. Moosavi Toomatari, G., Manaffar, R. and Zare, S., 2014. DGGE technique application to study genetic diversity of Na⁺/K⁺ ATPase gene among *Artemia* populations. *Modern Genetics*. 9(4): 411-418. (In Persian)
27. Naganawa, H. and Mura, G., 2017. Two new cryptic species of *Artemia* (Branchiopoda, Anostraca) from Mongolia and the possibility of invasion and disturbance by the aquaculture industry in East Asia. *Crustaceana*. 90: 1679-1698. doi: 10.1163/15685403-00003744
28. Nei, M., 1987. Molecular Evolutionary Genetics. New York: Columbia University Press.
29. Ogello, E.O., Nyonje, B.M. and Van Stappen, G., 2014. Genetic differentiation of *Artemia franciscana* (Kellogg, 1906) in Kenyan coastal saltworks. *International Journal of Advanced Research*. 2(4): 1154-1164. doi: 10.13140/2.1.1200.2886
30. Ovenden, J.R., 1990. Mitochondrial DNA and marine stock assessment: a review. *Australian journal of Marine and Freshwater Research*. 41: 835-853. doi: 10.1071/MF9900835
31. Ovenden, J.R. and Brasher, D.J., Stock identity of the red (*Jasus edwardsii*) and green (*Jasus verreauxi*) rock lobsters from mitochondrial DNA analysis. In: Phillips, B.F., Cobb, J.S. and Kittaka, J., 1994. Editors. Spiny Lobster Management. Cambridge: Blackwell Scientific. 230-249.
32. Perez, M.L., Valverde, J.R., Batuecas, B., Amat, F., Marco, R. and Garesse, R., 1994. Speciation in the *Artemia* genus: Mitochondrial DNA analysis of bisexual and parthenogenetic brine shrimps. *Journal of molecular evolution*. 38:156-168. doi: 10.1007/BF00166162
33. Persoone, G. and Sorgeloos, P., 1980. General aspects of the ecology and biogeography of *Artemia*. In: Persoone, G., Sorgeloos, P., Roels, O. and Jaspers, E., 1980. editors. The brine shrimp *Artemia*. Ecology, Culture, Use in Aquaculture. Wetteren: Universa Press. 3: 3-24.
34. Ravantab, N., Ghasemi, Z. and Johari, S.A., 2024. The effect of silver nanoparticles on the toxicity of mercury in *Artemia salina* (Linnaeus, 1758) in simultaneous and individual exposure. *Journal of Animal Environment*. 15(4): 293-300. doi: 10.22034/AEJ.2023.387227.2937 (In Persian)
35. Rezvani Gilkolaei, S., 1997. Molecular population genetic studies of sturgeon species in the south Caspian Sea. Ph. D Thesis. University of Wales. 270 p.
36. Shafaie, S., Zare, S., Manaffar, F. and Falahati, A., 2012. Report for the Occurrence of *Artemia franciscana* Kellogg 1906 in Tashk Lake, Iran. *Journal of Natural Environment (Iranian Journal of Natural Resources)*. 65(3): 393-401. doi: 10.22059/JNE.2012.29792 (In Persian)
37. Shafaie, S., Zare, S., Manaffar, F. and Falahati, A., 2013. Molecular Characterization *Artemia Franciscana* 40(3): 724-738. doi: 10.1016/j.ympev.2006.04.010
38. Baxevanis, A.D., Maniatsi, S., Kouroupis, D., Marathiotis, K., Kappas, I., Kaiser, H. and Abatzopoulos, T.J., 2014. Genetic identification of South African *Artemia* species: invasion, replacement and co-occurrence. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*. 94(4): 775-785. doi: 10.1017/S0025315414000083
39. Bossier, P., Xiaomei, W., Catania, F., Doods, S. and VanStappen, G., 2004. An RFLP database for authentication of commercial cyst samples of the brine shrimp *Artemia* spp. international study on *Artemia*, LXX. *Aquaculture*. 231: 93-112. doi: 10.1016/j.aquaculture.2003.11.001
40. Browne, R.A. and Halanych, K.M., 1989. Competition between sexual and parthenogenetic *Artemia*: a re-evaluation (Branchiopoda, Anostraca). *Crustaceana*. 57(1): 57-71.
41. Eimanifar, A., Rezvani, S. and Carapetian, J., 2006. Genetic differentiation of *Artemia urmiana* from various ecological populations of Urmia Lake assessed by PCR amplified RFLP analysis. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 333: 275-285. doi: 10.1016/j.jembe.2006.01.002
42. Gajardo, G., Abatzopoulos, T.J., Kappas, I. and Beardmore, J.A., 2002. Evolution and speciation, *Artemia*: Basic and Applied Biology. Dordrecht: Kluwer academic publishers.
43. Gajardo, G., Crespo, J., Triantafyllidis, A., Tzika, A., Baxevanis, A., Kappas, I. and Abatzopoulos, T.J., 2004. Species identification of Chilean *Artemia* population based on mitochondrial DNA RFLP analysis. *Journal of Biogeography*. 31: 547-555. doi: 10.1111/j.1365-2699.2003.01046.x
44. Gajardo, G.M. and Beardmore, J.A., 2012. The brine shrimp *Artemia*: adapted to critical life conditions. *Frontiers in Physiology*. 3: 185. doi: 10.3389/fphys.2012.00185
45. Hafeziyeh, M., Sharifian, M. and Hosseinpour, H., 2015. Biometric comparison of cyst and nauplius of Iranian *Artemia*. *Journal of Aquaculture Development*. 9(1): 11-24. (In Persian).
46. Hami Tabari, A., Shabani, A., Ghadirnejad, H., Shabanpour, B. and Shirangi, S.A., 2013. Investigation and determination of population structure of parthenogenetic *Artemia* (Bowen and Sterling, 1978) in the Inche Lake using PCR-RFLP. *Iranian Journal of Biology*. 26(1): 119-127. (In Persian)
47. Hillis, D.M. and Moritz, C., 1990. Molecular taxonomy. Massachusetts: Sinauer Associates Inc Publishers.
48. Kappas, I., Abatzopoulos, T.J., Van Hoa, N., Sorgeloos, P. and Beardmore, J.A., 2004. Genetic and reproductive differentiation of *Artemia franciscana* in a new environment. *Marine Biology*. 146: 103-117. doi: 10.1007/s00227-004-1420-9
49. Lu, C.C., 1998. Diversity of cephalopoda from the waters around Taiwan. *Phuket Marine Biological Center Special Publication*. 18(2): 331-340.
50. Manaffar, R., Zare, S., Agh, N., Abdolazadeh, N., Soltanian, S., Sorgeloos, P., Bossier, P. and Vansteppen, G., 2011. SNP detection in NaK ATP-ase gene α_1 subunit of bisexual and parthenogenetic *Artemia* strains by RFLP screening. *Journal of Molecular Ecology Resources*. 11: 211-214. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02908.x
51. McElroy, D., Moran, P., Birmingham, E. and

- Kellogg 1906 in Bakhtegan Lake, Fars Province. *Agricultural knowledge and sustainable production*. 23(4): 107-117. (In Persian)
37. Silberman, J.D., Sarver, S.K. and Walsh, P.J., 1994. Mitochondrial DNA variation and population structure in the spiny lobster *Panulirus argus*. *Marine Biology*. 120: 601-608. doi: 10.1007/BF00350081
 38. Singh, P., Sahoo, R.K., Bulle, M. and Gupta, K.J., 2020. An efficient method of mitochondrial DNA isolation from *Vigna radiata* for genomic studies. *Legume Genomics*. 305-315. doi: 10.1007/978-1-0716-0235-5_16
 39. Smith, P.J., McKoy, J.L. and Machin, P.J., 1980. Genetic variation in the rock lobsters *Jasus edwardsii* and *Jasus novaehollandiae*. *New Zealand journal of Marine and Freshwater Research*. 14(1): 55-63. doi: 10.1080/00288330.1980.9515843
 40. Subramani, T., Gunasagaran, K. and Natesan, M., 2021. Genetic diversity and population structure of *Artemia franciscana* from southeast coast of India. *Journal of Sea Research*. 178: 102-127. doi: 10.1016/j.seares.2021.102127
 41. Taggart, J.B., Hynes, R.A., Prodohi, P.A. and Ferguson, A., 1992. A simplified protocol for Routine total DNA isolation from salmonid fishes. *Journal of Fish Biology*. 40: 963-965. doi: 10.1111/j.1095-8649.1992.tb02641.x
 42. Thirunavukkarasu, S., Karunasagaran, G. and Munuswamy, N., 2021. Genetic variability of *Artemia franciscana* populations from different salterns of southeast coast of India. *Meta Gene*. 28: 100887. doi: 10.1016/j.mgene.2021.100887
 43. Valverde, J.R., Batuecas, B., Moratilla, C., Marco, R. and Garesse, R., 1994. The complete mitochondrial DNA sequence of the crustacean *Artemia Franciscana*. *Journal of molecular Evolution*. 39: 400-408. doi: 10.1007/BF00160272
 44. Wilding, C.S., Beaumont, A.R. and Latchford, J.W., 1997. Mitochondrial DNA variation in the scallop *Pecten maximus* (L.) assessed by a PCR-RFLP method. *Heredity*. 79: 178-189. doi: 10.1038/hdy.1997.141
 45. Zeynalpour, R., Mirhosseini, S.Z., Dalirsefat, S.B. and Zare, J., 2015. Genetic identification and classification of Iranian *Artemia* using microsatellite markers. *Journal of Agricultural Biotechnology*. 7(3): 149-162. doi: 10.22103/JAB.2015.1138 (In Persian)