2025, 1(4): 69-74

JAER

Journal of Animal Environmental Reaserch

Journal homepage: http://www.journalaer.com

Research Article

Investigation of the Existence of Two Different Genotypes of Russian Sturgeon (*Acipenser gueldenstaedtii*) Based on the Mitochondrial Control Region (D-loop) in Samples from the Southern Caspian Sea Basin

Shirin Jamshidi *

International Sturgeon Research Institute, Iranian Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Rasht, Iran

Key Words

Russian sturgeon
(*Acipenser gueldenstaedti*)
Southern Caspian Sea Basin
Mitochondrion
Genotype

Article info

* Corresponding Author's email:
jamshidi99@yahoo.com

Received: 2 October 2024
Reviewed: 3 November 2024
Revised: 4 January 2025
Accepted: 7 February 2025

Abstract

Introduction: In this study, the potential existence of two distinct types of Russian sturgeon was evaluated based on the sequence of the control region (D-loop) in samples obtained from the southern Caspian Sea basin. The aim of this research was to assess the presence or absence of two mitochondrial D-loop genotypes in Russian sturgeon of the southern Caspian basin and to determine the frequency of each genotype.

Materials & Methods: Specific primers were designed in such a way as to enable the identification of two different genotypes at the mitochondrial DNA level, if present. Samples were collected from various geographical regions along the southern Caspian coasts countries during the years 2002 to 2021. Using multiplex polymerase chain reaction (PCR) with extracted DNA and a mixture of primers capable of amplifying the bands of both genotypes in Russian sturgeon.

Results: it was demonstrated that Russian sturgeons of the southern Caspian basin possess two mitochondrial genotypes. These were defined as the "typical Russian sturgeon genotype," with a frequency of 66%, and the "Siberian-like genotype," with a frequency of 28%. The Siberian-like genotype occurred less frequently among the examined samples.

Conclusion: This identification method allows for the rapid detection of the two genotypes of Russian sturgeon and can be effectively applied in identity determination and population studies of this species.

[Downloaded from www.journalaer.com on 2025-12-18]

مقاله علمی - پژوهشی

بررسی وجود دو ژنوتیپ متفاوت تاس‌ماهی روسی (*Acipenser gueldenstaedtii*) بر اساس ناحیه کنترل (دی‌لوپ) میتوکندریایی در نمونه‌های تاس‌ماهیان روسی حوضه جنوبی دریای خزر

شیرین جمشیدی*

انستیتو تحقیقات بین‌المللی ماهیان خاویاری، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، *سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران*

کلمات کلیدی

تاس‌ماهی روسی (*Acipenser gueldenstaedtii*)
حوضه جنوبی دریای خزر
میتوکندری
دی لوپ
ژنوتیپ

چکیده

مقدمه: در این تحقیق، امکان‌وجود داشتن دو تیپ‌متفاوت از تاس‌ماهی روسی براساس توالی ناحیه کنترل (دی‌لوپ) درنمونه‌های به‌دست آمده جغرافیایی حوضه جنوبی دریای خزر، مورد ارزیابی قرار گرفت. هدف ازانجام این تحقیق، ارزیابی وجود یا عدم وجود دو ژنوتیپ مختلف براساس نواحی دی‌لوپ میتوکندریایی در تاس‌ماهیان روسی حوضه جنوبی خزر و دستیابی به درصد وجودی هرکدام از این ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

مواد و روش‌ها: آغازگرهای اختصاصی به شکلی انتخاب شدند تا در صورت امکان بتوان دو ژنوتیپ متفاوت در سطح مولکول DNA میتوکندری شناسایی کرد. نمونه‌ها از مناطق مختلف جغرافیایی سواحل جنوبی دریای خزر در خلال سال‌های ۱۳۸۱ تا ۱۴۰۰ جمع‌آوری شده بودند. از روش تکثیر واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرازی چندگانه و DNA استخراج شده و اختلاط آغازگرهایی که باندهای هر دو نوع ژنوتیپ را در تاس‌ماهی روسی تکثیر می‌کنند، استفاده شد.

نتایج: نشان داده‌شد که تاس‌ماهیان روسی حوضه‌جنوبی‌دریای‌خزر دارای دونوع ژنوتیپ می‌باشدکه به‌صورت ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی معمولی با پراکنش ٦٦ درصد و ژنوتیپ شبه تاس‌ماهی سیبری به‌میزان ۲۸ درصد تعریف می‌شوندکه ژنوتیپ شبه‌تاس‌ماهی سیبری از پراکنش کم‌تری در بین نمونه‌های مورد بررسی برخوردار بود.

بحث و نتیجه‌گیری: در این روش‌شناسایی، می‌توان‌کار بررسی‌دو ژنوتیپ مختلف تاس‌ماهی روسی را درمدت‌زمان‌کوتاهی انجام داد که در مطالعات تعیین هویتی و بررسی جمعیتی برای تاس‌ماهی روسی کاربرد خواهد داشت.

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول:
jamshidi99@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۱ مهر ۱۴۰۳
تاریخ داوری: ۱۳ آبان ۱۴۰۳
تاریخ اصلاح: ۱۵ دی ۱۴۰۳
تاریخ پذیرش: ۱۹ بهمن ۱۴۰۳

[Downloaded from www.journalaer.com on 2025-12-18]

مقدمه

گونه‌های تاس‌ماهی روسی (*Acipenser gueldenstaedtii*)، تاس ماهی ایرانی (*Acipenser persicus*) و تاس‌ماهی سیبری (*Acipenser baerii*) گونه‌هایی نزدیک به‌هم می‌باشند که از نظر عدد کروموزومی هم تعداد کروموزوم یکسانی دارند (۱۲). در حال حاضر هیچ فصل مشترک جغرافیایی بین این تاس‌ماهی سیبری و دو گونه دیگر مشترک نمی باشد و از نظر ریختی هم تاس ماهی سیبری کاملاً متفاوت از تاس ماهی روسی می باشد اما طبق بررسی های مولکولی حدود ۳۰ درصداز ژنوم میتوکندری تاس‌ماهی روسی دریای خزر وحدود ۲ درصد از ژنوم میتوکندری تاس ماهی روسی دریای آزوف شبیه تاس ماهی سیبری می‌باشد که احتمالاً به‌علت اختلاط آمیزش (Introgression) این دو گونه به دوره پلیستوسن مربوط می‌باشد (۴، ۹). این دو فرم از ژنوتیپ میتوکندری تاس ماهی روسی در ژنوم میتوکندری تاس ماهی ایرانی دیده نشده است (۶). براساس تحقیق Mugue و همکاران، تاس‌ماهی روسی و تاس‌ماهی ایرانی گونه‌های نسبتاً جوانی هستند و هاپلوتیپ‌های میتوکندریایی مشترک دارند (قرابت ژنتیکی بالایی دارند) و این موضوع مانع از شناسایی آن‌ها از به تنهایی از طریق تجزیه و تحلیل DNA میتوکندریایی می شود (۶)؛ بنابراین تاس ماهی ایرانی به عنوان گونه مورد بررسی در این تحقیق نیز به منظور مقایسه با تاس‌ماهی روسی، آورده شده است. براساس اطلاعات مجمع بین‌المللی گونه‌های در معرض خطر انقراض (International Convention on:CITES Trade in Endangered Species) تمامی گونه‌های خانواده تاس‌ماهیان حوضه دریای خزر جز گونه‌های حفاظت شده می‌باشند و بسیاری از گونه ها در معرض خطر انقراض می باشند. براساس گزارش هایی که وجود دارد قسمت عمده‌ای از خاویار در بازار جهانی از تاس‌ماهی روسی (چالباش) *Acipenser gueldenstaedtii* و تاس‌ماهی سیبری *A. baeriii* تولید می‌گردد (۱، ۷). برای تعیین گونه مورد نظر در محصولات خاویار، گوشت ماهی و هم‌چنین محصولات ناشی از آن‌ها مثل کرم‌های آرایشی و بهداشتی بهترین راه پیشنهادی، استفاده از روشی به کار می‌رود. با وجود این‌که بیش‌تر از ناحیه بارکد (Barcoding region) ژن سیتوکروم اکسیداز، زیرواحد یک (*COI*) برای شناسایی گونه‌ها به‌کار می‌رود ولی علاوه بر پر هزینه بودن و وقت‌گیر بودن توالی‌یابی، تمایز این ۳ گونه در مواردی با استفاده‌از ژن *COI* امکان‌پذیر نمی‌باشد لذا براساس مطالعات Mugue و همکاران، استفاده از تکثیر قسمتی از ناحیه D-loop برای شناسایی گونه‌های تاس‌ماهیان امکان‌پذیر می‌باشد که در مطالعات آن‌ها و هم‌چنین تحقیقات دیگران نشان داده شد که تاس‌ماهیان روسی دریای خزر دارای دو نوع ژنوتیپ می‌باشند (۶). در این تحقیق به‌منظور شناسایی مولکولی تاس‌ماهیان روسی حوضه جنوبی دریای خزر روشی پایه‌ریزی شد و درصد دو نوع ژنوتیپ معمولی و شبه تاس‌ماهی سیبری را در جمعیتی که طی چندین سال، نمونه‌های آن جمع‌آوری شده است و مربوط به نواحی وسیعی از نواحی مختلف جنوب دریای خزر می‌باشد؛ مشخص شد.

مواد و روش‌ها

استخراج DNA از بافت باله تاس‌ماهی روسی حوضه جنوبی دریای خزر: تعداد ۵۰ عدد از گونه تاس‌ماهی روسی دریای خزر مناطق جغرافیایی مختلف واقع در نواحی مختلف جنوب دریای خزر در فاصله سال‌های ۱۳۸۱ تا ۱۴۰۰ جمع‌آوری شده بودند و در الکل ۹۶ درجه سانتی‌گراد ذخیره‌سازی شدند؛ مورد آزمون قرار گرفت. هم‌چنین ۲۰ عدد تاس‌ماهی ایرانی جمع‌آوری شده از سال‌های ۱۳۸۱ تا ۱۴۰۰ از نواحی مختلف شیلاتی جنوب دریای خزر و موسسه تحقیقات بین‌المللی تاس‌ماهیان دریای خزر نیز در این تحقیق مورد بررسی مولکولی قرار گرفت. مشخصات محل‌های جغرافیایی نمونه‌های گونه‌های تاس‌ماهیان دریای خزر در جدول ۱ آمده است. استخراج DNA توسط کیت DNeasy tissue kit (Qiagen, Hilden, Germany) با اندکی تغییرات انجام شد. بدین منظور حدود ۱۰۰ میلی گرم از بافت باله یا عضله ماهی با استفاده از نیتروژن مایع به‌صورت پودر آمده و بقیه مراحل استخراج DNA درست به مانند روش استخراج از بافت مطابق دستور کیت انجام شد.

جدول ۱: مشخصات و تعداد نمونه‌های مورد استفاده در تحقیق و مکان جغرافیایی برداشتن نمونه‌ها

Table 1: The characteristics and number of samples used in the research and the geographical location of sample collection

تکثیر موفق در روش PCR	تعداد نمونه‌هایی که با روش PCR ژنوتایپ آن‌ها مشخص شده است	محل جغرافیایی گرفتن نمونه‌ها	تعداد نمونه‌ها	Species
موفق	۴۶ عدد	بخش تکثیر وپرورش موسسه تحقیقات بین‌المللی تاس‌ماهیان دریای خزر (پرورشی) و نواحی شیلاتی جنوب دریای خزر	۵۰ عدد	*Acipenser gueldenstaedtii*
ناموفق	تکثیر نشد	بخش تکثیر وپرورش موسسه تحقیقات بین‌المللی تاس‌ماهیان دریای خزر (پرورشی) و نواحی مختلف شیلاتی جنوب دریای خزر	۲۰ عدد	*Acipenser persicus*

[Downloaded from www.journalaer.com on 2025-12-18]

ارزیابی کمیت و کیفیت DNA استخراج شده از بافت باله تاس‌ماهیان

انتخاب آغازگر برای ناحیه کنترل ژنوم میتوکندری و واکنش زنجیره پلی مراز برای آن: در این تحقیق از آغازگرهای مورد استفاده از تحقیقات Mugue و همکاران، استفاده شد (۶). به‌جهت این‌که در تحقیق آن‌ها مشخص شد که ۳۰ درصد از تاس‌ماهیان روسی در دریای خزر دارای ژنوتیپ شبه‌سیبری در جایگاه ژنوم میتوکندری خود می‌باشند (۲، ۷)؛ برای مشخص نمودن نوع ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی از روش multiplex PCR استفاده شد تا در صورت وجود هر ژنوتیپ، نوع آن در تاس‌ماهی روسی مشخص شود. برای آغازگر ویژه گونه تاس‌ماهی روسی دریای خزر، کار مناسب‌سازی درجه حرارت با استفاده از روش PCR gradient صورت پذیرفت (هر ژنوتیپ به صورت single PCR) و در همان دمای مناسب تمامی نمونه‌ها تکثیر شده و روی ژل آگارز ۲ درصد برده شدند. برای تاس‌ماهی روسی روش multiplex PCR با استفاده از آغازگرهای AGF, ABF, ABRAM و آغازگر AHR استفاده شد. چون تاس‌ماهی ایرانی قرابت ژنتیکی بالایی با تاس‌ماهی روسی دارد. روش multiplex PCR برای تاس‌ماهیان ایرانی نیز به‌کار برده شد. قطعات مورد نظر تکثیر شده برای ژنوتیپ معمولی تاس‌ماهی روسی ۴۲۰ جفت باز و برای ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی‌شبه تاس‌ماهی سیبری ۲۱۵ جفت باز می‌باشد. به‌طور اختصار شرایط PCR چندگانه شامل نسبت AGF، ABF، ABRAM و AHR به‌صورت ۱، ۲، ۱/۲، ۱ بوده و برنامه حرارتی شامل واسرشته‌سازی در ۹۵ درجه سانتی‌گراد ۵ دقیقه، ۳۵ سیکل شامل واسرشته‌سازی در ۹۵ درجه سانتی‌گراد ۲۰ ثانیه، الحاق در دمای ۵۷ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه، تکثیر در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه و تکثیر نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۵ دقیقه انجام شد.

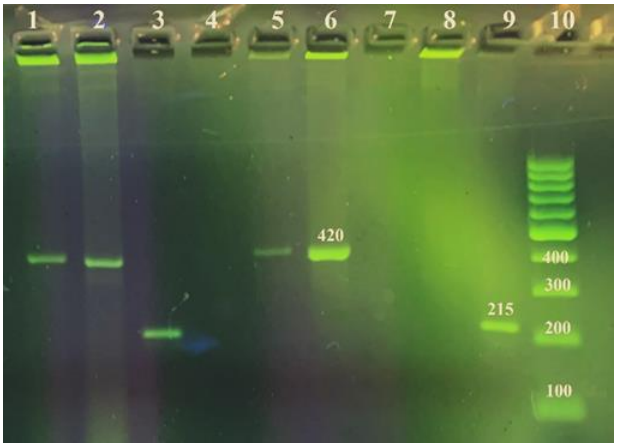
جدول۲: توالی نوکلئوتیدی آغازگرهای مورد استفاده در روش multiplex PCR برای دو ژنوتیپ مختلف تاسماهی روسی

Table 2: Nucleotide sequences of primers used in multiplex PCR method for two different Russian sturgeon genotypes

نام آغازگر	توالی نوکلئوتیدی
AHR	TATACACCATTATCTCTATGT (reverse)
AGF	GCACAGACTATGTGGTATCCAGAA (forward)
ABF	CAGATGCCAGTAACAGGCTGA (forward)
ABRAM	TGTCTGTCTAGAACATG (forward)

نتایج

ارزیابی کیفیت محصول PCR با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز: براساس نتایج کمی به‌دست آمده برای غلظت DNA با استفاده از نانو دراپ، همگی دارای نسبت جذب ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر مناسب در دامنه ۲-۱/۸ و مقدار هر کدام از نمونه‌ها بین ۲۰۰ تا ۸۰۰ نانوگرم در میکرولیتر بوده است. بررسی multiplex PCR روی ژل آگارز ۲ درصد نشان داد که جمعیت تاس‌ماهیان روسی حوضه جنوبی دریای خزر که نمونه‌های آن از مناطق جغرافیایی متفاوت جنوب دریای خزر به‌دست آمده حاوی دو ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی معمولی و شبه تاس‌ماهی سیبری می‌باشد. از بین ۵۰ عدد تاس‌ماهی روسی ۳۳ عدد (۶۶ درصد) آن‌ها دارای ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی معمولی و ۱۴ عدد (۲۸ درصد) دارای ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی شبه تاس‌ماهی سیبری بودند. ۴ عدد از تاس‌ماهیان روسی حوضه جنوبی دریای خزر با استفاده از این روش هیچ باندی را تکثیر نکردند.



شکل ۱: دو باند به‌دست آمده با اندازه متفاوت در نمونه‌های مورد بررسی تاس‌ماهیان حوضه جنوبی دریای خزر نشان‌دهنده دو ژنوتیپ مختلف در جایگاه D-loop در تاس‌ماهیان روسی حوضه جنوبی خزر می‌باشد. شماره ۱، ۲، ۵ و ۶ باند به‌دست آمده در تاس‌ماهی روسی با ژنوتیپ معمولی و شماره ۳ و ۹ تاس‌ماهی روسی شبه تاس‌ماهی سیبری می‌باشند. شماره ۴، ۷ و ۸ محصول multipelex PCR حاصل از تاس‌ماهی ایرانی با آغازگرهای دو ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی می‌باشد که هیچ باندی در روی ژل باندی را تکثیر نکردند.

Figure 1: Two bands obtained with different sizes in the studied samples of southern Caspian Sea sturgeon indicate two different genotypes at the D-loop locus in Russian sturgeon of Southern Caspian Sea Basin. Bands 1, 2, 5, 6 are obtained in Russian sturgeon with normal genotype and bands 3 and 9 are Russian sturgeon with Siberian sturgeon-like genotype. Numbers 7, 4, and 8 are multiplex PCR products from Persian sturgeon with primers from two Russian tapeworm genotypes that did not amplify any bands on the gel.

[Downloaded from www.journalaer.com on 2025-12-18]

بحث

یکی از چالش‌های موجود در بخش تحقیقات مولکولی تاس‌ماهیان شناسایی ژنوتیپ‌های متفاوت در جمعیت‌های آن‌ها می‌باشد. پیدا کردن سیستمی برای تشخیص سریع گونه‌ها و زیرگونه‌ها از هم با فن‌آوری جدید زیستی مثل بررسی ژن‌هایی که در شناسایی گونه (Specific diagnostic) نقش دارند، با ردیابی و صحه گذاری روی محصولات ارزشمندی که از تاس‌ماهیان به‌دست می‌آید امکان‌پذیر است. از آن‌جایی‌که گونه تاس‌ماهی روسی یکی از گونه‌های اصلی می‌باشد که برای تولید خاویار در دنیا استفاده می‌شود و به جهت توجه به برنامه‌های حفاظتی تاس‌ماهیان در دنیا و تجارت خاویار، اثبات وجود دو نوع ژنوتیپ یکی از راه‌های تشخیصی می‌باشد که از بقیه تاس‌ماهیان دیگر و هم‌چنین از تاس‌ماهیان ایرانی می‌تواند به‌کار گرفته‌شود. بررسی توالی‌ژنی درصورت موجودبودن امکانات توالی‌یابی از چند روز تا چند هفته قابلیت جواب‌دهی به متقاضی بررسی نمونه را دارد. با این وجود، در این میان به روشی که نیاز به امکانات کم‌تر داشته و در مدت زمان کوتاه‌تر بتوان به نتیجه برسد نیز از اهمیت ویژه‌ای در تحقیقات مولکولی آبزیان، برخوردار است. روش بررسی ژنوتیپ‌های گونه‌تاس‌ماهیان روسی براساس تفاوت اندازه‌باند مشاهده شده‌روی‌ژل آگارز که‌در تحقیق حاضر به‌انجام‌رسیده است‌برتری‌هایی چون قابلیت انجام راحت و ساده بودن داشته و با ابزارهایی که در همه آزمایشگاه‌های مولکولی موجود می‌باشد در چند ساعت قابل انجام است. کار تشخیصی تاس‌ماهیان روسی حوضه اروپا با استفاده از بررسی ژن D-loop توسط Mugue و همکاران انجام شد و نتایج مبین آن بود که این روش قابلیت تشخیص مولکولی تاس‌ماهیان حوضه Ponto-Caspian را در مدت زمان کوتاه دو تا سه ساعته دارا می‌باشد (۶). بنابراین آغازگرهای مورد استفاده در این مطالعه بر اساس Mugue و همکاران (۶) انتخاب‌شدند. در این‌تحقیق ۵۰ نمونه از تاس‌ماهیان روسی حوضه جنوب خزر و تاس‌ماهیان ایرانی حوضه جنوب خزر مورد بررسی قرار گرفت که از این میان هیچ نمونه‌ای از تاس‌ماهیان ایرانی، باندی را با استفاده از آغازگرهای تاس‌ماهیان روسی تکثیر نکردند و چهار نمونه از تاس‌ماهیان روسی هم باندی را تکثیر نکردند. Vodolazhskii و همکاران، نیز روی ساختار ناحیه کنترل D-loop تاس‌ماهیان روسی تحقیق کرده و به این نتیجه رسیدند که این ناحیه در تاس‌ماهیان روسی بسیار پرتغییر می باشد و در افراد متفاوت تغییرات طول با تکرار یا حذف نواحی تکرارپذیر ۸۲تایی (تکرار ۲، ۳ و تایی) مشاهده کردند و به این نتیجه رسیدند در جمعیت‌های مختلف، گروه‌ها و نژادهای فصلی این تغییرات می‌تواند به‌عنوان نشانگر مطرح باشد (۱۲). نتایج مشابه در مورد تاس‌ماهیان روسی در نتایج Mugue و همکاران نیز دیده شد که اعلام شد دو درصد از نمونه‌ها قابل شناسایی با آغازگرهای مورد استفاده نبودند (۶). به‌نظر می‌رسد عدم تکثیر ژن در نمونه‌های مورد بررسی در این تحقیق نیز به پر تغییر بودن محل چسبیدن آغازگرها مربوط می‌باشد. براساس نتایج Bristein و همکاران (۲) و Jenneckens و همکاران (۴) در تاس‌ماهیان روسی، مشخص شد که ۳۰درصد از تاس‌ماهیان روسی ژنوم میتوکندریایی مشابه با ژنوم تاس‌ماهیان سیبری دارند؛ در تحقیق حاضر هم با استفاده از آغازگرهای هر دو ژنوتیپ، این دو نوع ژنوتیپ در جمعیت تاس‌ماهیان خزر شناسایی شد. به‌کار بردن آغازگرهای تاس‌ماهی روسی هیچ باندی را برای تاس‌ماهی ایرانی (قره‌برون) تکثیر نکرد که همین نتیجه برای تاس‌ماهی ایرانی در تحقیق Mugue و همکاران نیز به‌دست آمده است (۶). Rastorguev و همکاران با استفاده از بررسی جمعیتی تاس‌ماهی روسی، تاس‌ماهی ایرانی در منابع آبی دریای خزر، دریاچه آزوف، رودخانه‌های یورال و ولگا و بررسی تاس‌ماهی سیبری در دو رودخانه منطقه سیبری با استفاده از بررسی ژنوتیپ چندشکلی تک نوکلئوتید (Single nucleotide polymorphism (SNP) genotyping) پرداختند و به‌این نتیجه رسیدند که جمعیت‌های تاس‌ماهی روسی در دو رودخانه ولگا و یورال از هم قابل تفکیک نبوده اما از تاس‌ماهی ایرانی و تاس‌ماهی سیبری و جمعیت تاس‌ماهی روسی دریاچه آزوف قابل تشخیص می‌باشند و حداقل هشت نشانگر برای جداسازی این سه گونه معرفی کردند. نشانگرهای ژنوم میتوکندری وراثت مادری دارند و علی‌رغم این‌که می‌توانند نشان‌دهنده خوبی برای تفکیک گونه باشند اما به‌جهت هیبریداسیون و اختلاط گونه‌های تاس‌ماهیان که در گذشته بین گونه‌ها رخ داده است هم ممکن است

[Downloaded from www.journalaer.com on 2025-12-18]

تشخیص گونه‌های خالص از هیبریدها را دچار اختلال کند چون وراثت مادری دارند (۵، ۱۰). در مطالعات براساس ژنوم میتوکندری وضعیت ژنتیکی والد نر (گونه والد نر) مشخص نخواهد بود چون میتوکندری وراثت مادری دارد. بنابراین درصورت امکان لازم است تا بررسی ژنوم کل تاس ماهیان روسی حوضه جنوب خزر هم در ارزیابی گونه ها استفاده شود.

نتیجه گیری: به عنوان نتیجه گیری نهایی این تحقیق می توان گفت که تاس‌ماهی روسی حوضه جنوبی دریای خزر دارای دو ژنوتیپ متفاوت بر اساس بررسی ژنوم میتوکندریایی می باشد که ژنوتیپ معمولی پراکنش بیش‌تری از ژنوتیپ شبه‌سیبری در تعداد نمونه‌هایی که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت؛ از خود نشان داد. این نتایج با نتایج به‌دست آمده برای تاس‌ماهیان روسی نواحی شمالی حوضه آبی خزر مطابقت دارد اما تفکیک ژنوتیپ تاس‌ماهی روسی از تاس‌ماهی ایرانی تنها با عدم تکثیر دو باند ۴۲۰ و ۲۱۵ نوکلئوتیدی امکان پذیر نمی باشد و نیازمند تحقیقات بیش‌تری در زمینه یافتن نشانگرهای مختص گونه‌ای چه در سطح میتوکندریایی و چه ژنوم هسته‌ای می‌باشد.

منابع

1. **Bronzi, P., Rosenthal, H. and Gessner, J., 2011.** Global sturgeon aquaculture production: an overview. *Journal of Applied Ichthyology*. 27(2): 169-175. https://doi.org/10.1111/j.1439-0426.2011.01757.x
2. **Birstein, V.J., Doukakis, P. and DeSalle, R., 2000.,** Polyphyly of mtDNA lineages in the Russian sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*: forensic and evolutionary implications. *Conservation Genetics.* 1: 81-88. https://doi.org/10.1023/A:1010141906100
3. **DeSalle, R. and Birstein, V.J., 1996.** PCR identification of black caviar. *Nature*. 381: 197-198. doi: 10.1038/381197a0.
4. **Jenneckens, I., Meyer, J.N., Debus, L., Pitra, C. and Ludwig, A., 2008.** Evidence of Mitochondrial DNA Clones of Siberian Sturgeon, *Acipenser baerii*, within Russian Sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*, Caught in the River Volga. *Ecology Letters.* 3(6): 503-508. https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2000.00179.x
5. **Ludwig, A., Congiu, L., Pitra, C., Fickel, J., Gessener, J., Fontana, F., Patarnello, T. and Zane L., 2003.** Nonconcordant evolutionary history of maternal and paternal lineages in Adriatic sturgeon. *Molecular Ecology.* 12(12): 3253-3264. https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01999.x
6. **Mugue, N.S., Barmintseva, A.E., Rastorguev, S.M., Mugue, V.N. and Barmintsev, V.A., 2008.** Polymorphism of the Mitochondrial DNA Control Region in Eight Sturgeon Species and Development of a System for DNA-Based Species Identification. *Russian Journal of Genetics.* 44(7): 793-799. https://doi.org/10.1134/S1022795408070065.
7. **Pappalardo, A.M., Federico, C., Sabella, G., Saccone, S. and Ferrito, V., 2015.** A COI nonsynonymous mutation as diagnostic tool for intraspecific discrimination in the European Anchovy *Engraulis encrasicolus* (Linnaeus). *PLoS ONE.* 10: e0143297. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0143297.
8. **Rastorguev, M., Nedoluzhko, A.V., Mazur, A.M., Gruzdeva, N.M. Volkov, A.A. Barmintseva, A.E., Mugue, N.S. and Prokhortchou, E.B., 2013.** High throughput SNP-genotyping analysis of the relationships among Ponto-Caspian sturgeon species. *Ecology and evolution.* 3(8): 2612-2618.
9. **Timoshkina, N.N. and Barmintseva, A.E. and Usatov, A.V., 2009.** Intraspecific genetic polymorphism of Russian sturgeon Acipenser gueldenstaedtii, Russian Journal of Genetics. 45(9): 1098-1106. https://doi.org/10.1002/ece3.659.
10. **Tranah, G., Campton, D.E. and May, B., 2004.** Genetic evidence for hybridization of pallid and shovelnose sturgeon. *Journal of Heredity.* 95: 474-480. https://doi.org/10.1093/jhered/esh077.
11. **Vlasenko, A.D., Pavlov, A.V. and Vasilev, V.P., 1989.** *Acipenser persicus* Borodin, 1897. 345-366. *In*: Holčík,

[Downloaded from www.journalaer.com on 2025-12-18]

J., (ed.) The Freshwater Fishes of Europe. 1(II), General Introduction to Fishes, Acipenseriformes, AULA-Verlag, Wiesbaden.

12. **Vodolazhskii, D.L., Komienko I.V. and Voinova, N.V., 2008.** Hypervariability of the D-loop Region in Mitochondrial DNA of Russian Sturgeon *Acipenser gueldenstaedtii* (Acipenseriformes, Acipenseridae), *Journal of Ichthyology*. 48(2): 188-197. https://doi.org/10.1134/S0032945208020057.

[Downloaded from www.journalaer.com on 2025-12-18]