

کاربرد ژنومیکس در ارزی پرووری اقتصادی و مدیریت ذخایر ماهیان خاویاری وحشی

امید جعفری^{۱*} و مریم نصراله پورمقدم^۲

۱. مؤسسه تحقیقات بین المللی تاسماهیان دریای خزر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران

۲. پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، دانشکده منابع طبیعی، گروه شیلات

چکیده

امروزه اطلاعات بدست آمده از علم ژنومیکس نقش بسیار مهم و کاربردی در مدیریت ذخایر وحشی و همچنین ارزی پرووری انتخابی بازی می‌کند. نسل تاس ماهیان به‌عنوان بارزترین گونه‌های اقتصادی دریای خزر به دلایل مختلفی از جمله فشار صید بیش از حد، از دست رفتن مکان‌های تخم‌ریزی، سد سازی‌ها و کاهش ورودی آب شیرین رودخانه‌ها به حوضه جنوبی دریای خزر با کاهش چشم‌گیری طی سه دهه گذشته مواجه شده است. از این رو پایش جمعیت‌ها و زیرجمعیت‌های هر گونه از ماهیان خاویاری می‌تواند به‌عنوان یکی از راهکارهای کاربردی در احیای این ذخایر با ارزش مورد استفاده قرار گیرد. همچنین از آنجایی که ارزی پرووری این ماهیان در ایران سابقه طولانی ندارد و جمعیت‌های پرورشی نیز از تعداد محدودی مولد وحشی ایجاد شده‌اند، لذا طبقه بندی جمعیت‌های پرورشی می‌تواند پرورش اقتصادی ماهیان خاویاری را هموار نماید. با توجه به پیشرفت‌های حاصل شده در صنعت توالی یابی و ایجاد نسل‌های جدید آن موسوم به NGS، پایش مولکولی جمعیت‌های آبیان و بخصوص ماهیان خاویاری می‌تواند به صورت دقیق‌تری در راستای شناسایی جمعیت‌ها و زیرجمعیت‌های بزرگ و یا کوچک مقیاس انجام و لاین‌های متفاوت ژنتیکی به‌عنوان پایه‌ای‌ترین اصل به‌منظور نیل به ارزی پرووری پایدار ایجاد گردد.

واژگان کلیدی: ارزی پرووری پایدار، تاس ماهیان، توالی یابی نسل جدید، ژنومیکس

*^۱ نویسنده مسئول: Jaafari.omid@yahoo.com

مقدمه

جمعیت مؤثر تاس ماهیان و آمیزش خویشاوندی باشد که با هموزایگوت کردن آلل‌های مغلوب مضر باعث بروز اثرات منفی آن‌ها مانند کاهش قابلیت زنده مانگی بچه تاس ماهیان رهاسازی شده می‌گردد.

افت چشم‌گیر ذخایر وحشی ماهیان خاویاری از یک سو و نیاز روزافزون جامعه انسانی به منبع پروتئینی و خاویار با کیفیت از سوی دیگر زمینه ساز پرورش این ماهیان در محیط محصور شده است. یکی از مهم‌ترین موضوعات پیش رو در مزارع ماهیان خاویاری کشور جلوگیری از افت تولید به دلیل کاهش تنوع ژنتیکی طی سالیان آینده می‌باشد. از ابتدای دهه هشتاد خورشیدی (سال ۱۳۸۱) پرورش تاس ماهیان و ماهی دار شدن مزارع پرورشی داخل کشور برای پرورش تاس ماهیان و تولید گوشت با کیفیت و خاویار ارزشمند آغاز شده است. بر اساس شواهد میدانی بدست آمده، وزن کل تاس ماهیان در کل مزارع داخل کشور چیزی بالغ بر ۶۰۰۰ تا ۷۰۰۰ تن می‌باشد و بالغ بر ۸۰ درصد این بیومس در مرحله مولد و پیش مولد هستند و از این میزان حدود ۵ تا ۱۰ درصد آن در امر تکثیر بسته به شرایط، مورد استفاده قرار می‌گیرند. کوچک بودن اندازه جمعیت مولدین پرورشی در تاس ماهیان از یک سو و روند کاهشی ورود مولدین وحشی از دریا به چرخه تکثیر در شرایط محصور از سویی دیگر می‌تواند باعث کاهش تنوع ژنتیکی و افزایش درون آمیزی گردد. برون‌دادهای منفی ناشی از درون آمیزی به طرق مختلفی از جمله ناهنجاری‌های ریختی در بچه ماهیان، کوتاهی سرپوش آبششی، از دست رفتن منافذ بویایی و کوری خود را در تاس ماهیان نشان دادند که همگی باعث کاهش سطح تولید و عدم بازدهی پرورش تاس ماهیان می‌گردد. از این رو، با توجه به کند بودن چرخه ورود مولدین وحشی از دریا و کوچک بودن اندازه جمعیت مولدین، شناسایی ساختارهای ژنتیکی و حفظ تنوع ژنتیکی با استفاده از جدیدترین روش‌های توالی یابی (NGS²) هم در جمعیت‌های وحشی و هم پرورشی از مهم‌ترین موارد در مدیریت ذخایر و آبزی پروری پایدار تاس ماهیان می‌باشد.

توالی یابی NGS و ایجاد رویکردهای نوین در مطالعات مولکولی کاربردی

ماهیان خاویاری به‌عنوان گروهی منحصر به فرد و قدیمی از ماهیان غضروفی گانوتیدی بوده که به لحاظ اقتصادی از اهمیت بالایی برخوردار هستند. خانواده Acipenseridae از ۲۷ گونه تشکیل شده که دو گونه از آن‌ها مربوط به ماهیان پارو پوزه و ۲۵ گونه از ماهیان استروژن می‌باشند (Ogden et al., 2013). دریای خزر به‌عنوان بزرگ‌ترین دریاچه جهان از ۲۴۵ میلیون سال پیش تاکنون اقامتگاه طبیعی شش گونه از ماهیان خاویاری شامل فیل ماهی (*Huso huso*)، تاسماهی ایرانی (*Acipenser persicus*)، تاسماهی روسی (*Acipenser gueldenstaedtii*)، ازون‌برون (*Acipenser stellatus*)، شیپ (*Acipenser nudiventris*) و استرلیاد (*Acipenser ruthenus*) می‌باشند (Bemis et al., 1997). ماهیان خاویاری نه تنها به لحاظ اقتصادی بلکه از نظر اکولوژیکی با توجه به نقشی که در هرم اکولوژیکی دریای خزر دارند، بسیار حائز اهمیت می‌باشند. میزان صید ذخایر طبیعی ماهیان خاویاری در حوضه جنوبی دریای خزر طی دهه گذشته با افت چشم‌گیری روبرو بوده است که عوامل متعددی در ایجاد آن مؤثر بوده‌اند. از جمله مهم‌ترین عوامل کاهش ذخایر طبیعی ماهیان خاویاری می‌توان به صید بیش از حد و قاچاق جهت استحصال خاویار سیاه، از دست رفتن مطلوبیت زیستگاه در نتیجه ورود آلاینده‌ها و انواع پساب‌ها، سد سازی‌ها و کاهش ورود منابع آب شیرین از حوضه‌های آبریز و به تبع آن از دست رفتن مکان‌های تخم‌ریزی اشاره کرد. کاهش میزان ذخایر وحشی باعث کاهش مرحله‌ای اندازه جمعیت مؤثر و میزان تنوع ژنتیکی و از دست رفتن ساختارهای جمعیتی شده که متعاقب آن انقراض گونه اتفاق خواهد افتاد. تکثیر حمایتی ماهیان خاویاری در شرایط نیمه طبیعی با صید مولدین از دریا و تکثیر در شرایط پرورشی و رهاسازی بچه ماهیان به رودخانه‌های آبریز دریای خزر از جمله راهکارهای اتخاذ شده توسط سازمان شیلات ایران بوده و علی‌رغم تلاش‌های صورت گرفته همچنان این ماهیان از وضعیت مناسبی برخوردار نیستند (Pourkazemi, 2006) به‌طوری‌که پنج گونه از شش گونه حاضر در دریای خزر، در طبقه به شدت در معرض خطر انقراض (CR) و گونه استرلیاد در طبقه حساس (VU) از لیست قرمز IUCN قرار دارند (IUCN, 2021). یکی از عوامل احتمالی در این امر می‌تواند کوچک شدن اندازه

² Next generation sequencing

همچنین تعداد زیادی از آن نمونه دارد. این در حالی است که به دست آوردن نشانگرهای ژنتیکی تا چندین سال پیش فرآیندی پرهزینه و زمان‌بر بود، ضمن این‌که این نشانگرها تنها برای تعداد کمی گونه در دسترس بودند. با این حال پیشرفت‌های اخیر ایجاد شده در صنعت توالی‌یابی موسوم به NGS، هزینه توالی‌یابی و بنابراین کشف نشانگرهای ژنتیکی را کاهش داده است. به دلیل نرخ باروری بالای آبزیان پرورشی، اکثر برنامه‌های تکثیر بر اساس داده‌های صفات مورد نظر جمع‌آوری شده از خویشاوندان مولدین کاندید می‌باشد (به‌خصوص برای صفاتی که اندازه‌گیری آن‌ها بر روی خود کاندید امکان‌پذیر نمی‌باشد مانند کیفیت فیله و مقاومت به بیماری). بر همین اساس مقادیر آماره ارزش تکثیر برآورد شده (EBVs^۴) از به‌گزینی صورت گرفته بر مبنای خانواده بوده و لذا چنانچه تغییرات ژنتیکی بین مولدین درون یک خانواده مد نظر باشد، استفاده از اطلاعات نشانگرهای ژنتیکی ضروری است.

به‌طور کلی استفاده از نشانگرهای ژنتیکی در برنامه‌های تکثیر آبزیان به دو گروه عمده تقسیم می‌شود: ۱- انتخاب به کمک نشانگر (MAS^۵) و ۲- انتخاب ژنومیک (GS). روش MAS بر اساس استفاده از تعدادی نشانگر محدود مرتبط با جایگاه‌های ژنی صفات کمی (QTL^۶) که صفت مورد نظر را تحت تاثیر قرار می‌دهند می‌باشد و یکی از اولین مثال‌ها در آبی‌پروری شناسایی مکان ژنی مربوط به مقاومت به IPNV در ماهی سالمون اطلس (*Salmo salar*) بود. برای صفات چندژنی مانند رشد، روش GS مناسب‌تر می‌باشد که در آن خویشاوندان مولدین کاندید تکثیر با داده‌های ژنوتیپی و فنوتیپی به عنوان جمعیت آموزش (training) جهت محاسبه آماره ارزش تکثیر ژنومیک (GEBVs^۷) مولدین کاندید که فقط دارای اطلاعات ژنتیکی هستند، مورد استفاده قرار می‌گیرند. در حال حاضر کاربرد انتخاب مولدین بر مبنای اطلاعات ژنومیک در آبی‌پروری در مرحله تکوینی خود بوده و اکثر مثال‌های موجود در این زمینه تمرکز خود را روی اصلاح نژاد جهت مقاومت به بیماری‌های عفونی گذاشته‌اند. اکثر مطالعات ژنتیکی با کیفیت بالا در گونه‌های مورد استفاده در آبی‌پروری و برنامه‌های

نیاز مبرم محققین برای دسترسی آسان و با قیمت مناسب به داده توالی موجودات زنده، باعث توسعه توالی‌یابی High-throughput (NGS) گردید که با تکیه بر تکنولوژی‌های توأم توالی‌یابی حجیم و پردازش تصویر از قابلیت تولید میلیون‌ها توالی به‌طور هم‌زمان برخوردار می‌باشد (Shendure and Ji, 2008). توالی‌یابی NGS بر روی پلتفرم‌های متفاوتی مانند Illumina MiSeq, Roche 454 FLX Titanium, Illumina HiSeq2500 و Ion Torrent PGM و در سطوح متفاوتی مانند DNA (ژنومیکس) به اجرا در می‌آید. همه استراتژی‌های NGS از رویکرد نسبتاً مشابهی در فراهم‌آوری DNA ابتدایی برخوردار هستند به این صورت که DNA ماهی مورد بررسی با استفاده از آنزیم‌های برشی به قطعات کوچک تبدیل شده و سپس آداپتورهای universal به قطعات DNA اضافه شده و پس از شرکت کردن پرایمرهای تهیه شده و تکثیر آن‌ها در دستگاه PCR، توالی‌یابی آن‌ها بر روی یکی از پلتفرم‌های ذکر شده صورت می‌پذیرد.

استفاده از ژنومیکس در آبی‌پروری

علم ژنومیکس، مطالعه جمعیت‌ها و افراد با استفاده از تعداد زیادی نشانگر SNP (معمولاً بیش از ۱۰۰۰ نشانگر) در سرتاسر ژنوم گونه مورد مطالعه بوده که تعداد زیادی ژن و جایگاه ژنی بطور هم‌زمان مورد بررسی قرار می‌گیرند. در مقابل، روش‌های سنتی بطور عمده از تعداد کمی نشانگر ژنتیکی (مانند ریزماهورها) در مطالعات خود استفاده می‌کردند. علیرغم نقش مهم آبی‌پروری در تأمین امنیت غذایی جهانی، قسمت اعظمی از تولیدات آبزیان در جهان بر اساس ذخایری است که از اطلاعات ژنتیکی در برنامه‌های تکثیر استفاده نمی‌کند. برنامه‌های تکثیر آبزیان نسبت به سایر حیوانات اهلی در استفاده از ابزار ژنتیکی به منظور تکثیر انتخابی از رشد کم‌تری برخوردار بوده‌اند و این ابزار تنها به‌منظور بازسازی دودمان و در مطالعات بنیادی محور مورد استفاده قرار گرفته‌اند در حالی‌که اکثر برنامه‌های مدرن در پرورش دام و طیور تحت تاثیر انتخاب ژنومیک قرار گرفته‌اند و مزایای آن به خوبی در موجودات مختلف به اثبات رسیده است. انتخاب مولدین اصلاح از نظر صفات اقتصادی بر اساس اطلاعات ژنومیک (GS^۳) نیاز به داده نشانگر ژنتیکی در گستره ژنوم گونه ماهی مورد بررسی و

⁴ Estimated breeding values

⁵ Marker-assisted Selection

⁶ Quantitative traits loci

⁷ Genomic Estimated breeding values

³ Genomic selection

انتخاب ژنومیک، متأثر از روش^۸ GBS بوده‌اند که یا مستقیماً توسط روش‌های توالی‌یابی و یا به وسیله کشف نشانگرها از آرایه‌های SNP^۹ طراحی شده که در حال حاضر برای تعداد کمی از گونه‌ها وجود دارند؛ به اجرا در آمده‌اند. عمده روش‌های GBS شامل مراحل تهیه کتابخانه ژنومی با استفاده از یک یا دو آنزیم محدود کننده بوده که منجر به داده‌های توالی زیادی از زیرمجموعه‌های تکرارپذیر در طول ژنوم می‌شود، اگرچه اخیراً روش‌های جدید GBS بر اساس توالی‌یابی هدفمند مانند GT-Seq نیز توسعه یافته‌اند. به‌طور کلی GBS (و یا RADseq) یک اصطلاح کلی و مشتعل بر چندین روش بوده که اساس همه آن‌ها کاهش پیچیدگی ژنوم با استفاده از آنزیم‌های برشی می‌باشد. این روش‌ها شامل Original RAD، 2bRAD، ddRAD و ezRAD می‌باشند. مزایا و معایب تکنیکی برخی از این روش‌ها در جدول ۱ آورده شده است (Robledo *et al.*, 2017). مهم‌ترین کاربردهای روش‌های GBS را می‌توان شناسایی نشانگرهای SNP، نقشه‌یابی ژن و QTL، تنوع ژنتیکی، ایجاد نقشه‌های ژنومی با تراکم بالا، تهیه نقشه‌های هاپلوتایپی، فیلوژنتیک، شناسایی ژن‌های کاندید، آنالیز پیوستگی ژنتیکی، کشف نشانگرهای مولکولی، انتخاب ژنومیک و GWAS برشمرد. یکی از مهم‌ترین مزیت‌های GBS، امکان فراهم آوری بررسی‌های GWAS بوده که طی آن نواحی ژنومی دارای ارتباط معنی‌دار با صفات اقتصادی مورد توجه (مانند رشد، مقاومت به بیماری و کیفیت فیله) شناسایی و سپس در برنامه‌های به‌گزینی و اصلاحی و یا ویرایش ژنومی مورد استفاده قرار می‌گیرند.

8 Genotyping-by-Sequencing
9 Single-nucleotide polymorphism

جدول ۱. خلاصه‌ای از برخی روش‌های تعیین ژنوتیپ با استفاده از توالی یابی (GBS)

روش	ویژگی اصلی	مزایا	معایب
RAD-Seq	هضم با یک آنزیم برشی	حذف PCRهای تکراری	پیچیدگی تهیه کتابخانه ژنومی
2bRAD	هضم با آنزیم‌های برشی نوع IIB	عدم وجود مرحله انتخاب سایز، قابلیت تولید بالا و سادگی تهیه کتابخانه	تولید قطعات کوتاه، عدم امکان حذف خوانش‌های مربوط به PCRهای تکراری
ddRAD	دو آنزیم برشی متفاوت	سادگی تهیه کتابخانه و امکان PCR مرکب تعداد زیادی نمونه	تکرار پذیری وابسته به مرحله انتخاب سایز

کاربرد ژنومیکس در اکولوژی حفاظت و مدیریت ذخایر وحشی

در هنگام مطالعه جمعیت‌های وحشی، حداکثر نمونه برداری از جمعیت‌ها مورد توجه محققین بوده است، اما توالی‌یابی کامل ژنوم برای صدها نمونه با سایز ژنومی بزرگ هم‌چنان به‌طور ممانعت‌کننده‌ای هزینه بر می‌باشد. علاوه بر این، برای بسیاری از اهداف مطالعاتی، توالی‌یابی کامل ژنوم برای تعداد زیادی نمونه ضروری نبوده و تنها باعث مشکلات سخت افزاری و آنالیزهای بیوانفورماتیکی زمان‌بر می‌گردد. لذا روش‌های GBS می‌توانند با توالی‌یابی بخش کوچک‌تری از ژنوم نسبت به روش‌های WGS، حتی در گونه‌های فاقد و یا دارای اطلاعات محدود ژنومی (ژنوم مرجع) با تکیه بر توالی‌یابی NGS به اجرا در آیند. در بین ماهیان خاویاری، تنها ژنوم مرجع ماهی استرلیاد در پایگاه‌های داده وجود دارد و از این رو می‌توان بیان داشت که روش‌های GBS از مزیت بالایی در مطالعات گستره ژنومی (Genome wide) جمعیت‌های این ماهیان برخوردار هستند. به‌طور کلی مهم‌ترین مزیت‌های روش GBS را می‌توان عدم نیاز به ژنوم مرجع، هم‌زمانی ژنوتایپینگ و کشف نشانگر، مراحل کمتر PCR و عدم نیاز به انتخاب سایز در مراحل تهیه کتابخانه، قابلیت بالای تولید نشانگر SNP و سیستم بارکدینگ کارآمد و قابلیت اجرا بر روی تعداد زیاد نمونه در مقایسه با روش WGS به دلیل هزینه پایین‌تر اشاره کرد. از مهم‌ترین تحقیقات کاربردی انجام شده در ماهیان خاویاری می‌توان به کشف و تایید نشانگرهای SNP با استفاده از روش RAD اشاره کرد که به‌طور مشخص تاس‌ماهی ایرانی و روسی را از یکدیگر مجزا کرد. همچنین نشانگرهای SNP به‌دست آمده از توالی‌یابی

GBS توانستند فیل‌ماهی، استرلیاد و هیبرید آن‌ها را از یکدیگر تمیز و تشخیص دهند که نمایان ساختن تفاوت‌های بین گونه‌ای از اهمیت بالایی در ردیابی و صحت خاویارهای موجود در بازار جهانی برخوردار است. روش‌های تعیین ژنوتیپ با استفاده از توالی‌یابی (GBS) مزیت‌های قابل توجهی را در مطالعات ژنومیکس جمعیت با غربالگری هزاران چندشکلی در طول ژنوم که بیان‌گر گستره کامل وقایع تکاملی (تغییرات در رانش ژنتیکی، به‌گزینی، نوترکیبی و جهش) و پس‌اندازهای تغییرات ژنتیکی هستند، ایجاد می‌کنند. طی دو الی سه دهه گذشته، اکثر مطالعات ژنتیک حفاظت، تکیه بر تعداد کمی نشانگرهای مولکولی خنثی داشتند (مانند آلوزایم‌ها، ریزماهورها و AFLPs) که بخش بسیار کوچکی از ژنوم را پوشش می‌دهند. اگرچه این نوع داده‌ها قابلیت پاسخگویی به پرسش‌هایی در مورد عوامل دموگرافیک اثرگذار بر ژنوم (مانند تنوع، جریان و رانش ژنی، اندازه جمعیت مؤثر و رابطه ژنتیکی بین جمعیت‌ها) را داشتند، ولی توانایی آن‌ها در بررسی جایگاه‌های ژنی ویژه که تحت تأثیر تکامل ناشی از انتخاب و یا انطباق‌پذیری بوده‌اند، محدود می‌شود. روش‌های جدید ژنوتایپینگ مانند GBS و یا داده‌های به دست آمده از روش WGS^{۱۰} (توالی‌یابی کل ژنوم) محققین را قادر ساخته که علاوه بر بهبود تخمین‌های جمعیتی با افزایش قابل توجه تعداد نشانگرهای ژنتیکی، نواحی ژنومیکس منحصر به فرد را که احتمالاً وقایع تکاملی مانند انتخاب طبیعی را تجربه کرده باشند، شناسایی کنند. به‌عنوان مثال، روش‌های سنتی مبتنی بر نشانگر ممکن است به تنهایی نتوانند جمعیت‌های مجزای بوجود آمده در اثر مقاومت به یک پاتوژن و

^{۱۰} Whole Genome Sequencing

که عمده ماهیان خاویاری موجود در مزارع تکثیر و پرورش از تعداد محدودی مولد وحشی ایجاد شده‌اند لذا قویاً پیشنهاد می‌گردد تا با شناسایی زیرجمعیت‌های مختلف و کمی کردن تنوع ژنتیکی موجود، در ایجاد لاین‌های متنوع ژنتیکی اقدام نمود و در مرحله بعد در راستای به‌گزینی و شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات عملکردی اقتصادی مانند رشد، کیفیت فیله و مقاومت به بیماری اقدام نمود. از اینرو، ایجاد پایگاه داده مولکولی از ذخایر مولدین در مراکز تکثیر ماهیان خاویاری در کنار ثبت اطلاعات مورفولوژیکی به عنوان یکی از مهم‌ترین موارد در خصوص ارتقا و ترویج آبی‌پروری ماهیان خاویاری پیشنهاد می‌گردد.

منابع

Bemis, W.E., Findeis, E.K. and Grande, L., 1997. An overview of Acipenseriformes. *Environmental Biology of fishes*, 48(1), pp.25-71.

IUCN 2021. *The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2021-1*. <https://www.iucnredlist.org>. (Accessed on 8 May 2021)

Ogden, R., Gharbi, K., Mague, N., Martinsohn, J., Senn, H., Davey, J.W., Pourkazemi, M., McEwing, R., Eland, C., Vidotto, M. and Sergeev, A., 2013. Sturgeon conservation genomics: SNP discovery and validation using RAD sequencing. *Molecular ecology*, 22(11), pp.3112-3123.

Pourkazemi, M., 2006. Caspian Sea sturgeon conservation and fisheries: past present and future. *Journal of Applied Ichthyology*, 22, pp.12-16.

Robledo, D., Palaiokostas, C., Bargelloni, L., Martínez, P. and Houston, R., 2018. Applications of genotyping by sequencing in aquaculture breeding and genetics. *Reviews in Aquaculture*, 10(3), pp.670-682.

Shendure, J. and Ji, H., 2008. Next-generation DNA sequencing. *Nature biotechnology*, 26(10), pp.1135-1145.

یا جمعیت‌های محلی سازگار شده به زیستگاه را شناسایی کنند. کاربرد روش‌های مبتنی بر ژنومیکس در شناسایی جمعیت‌های کوچک مقیاس (Fine scale) به خوبی به اثبات رسیده است و لذا این روش‌ها می‌توانند در گونه‌هایی که به لحاظ حفاظتی در سطوح پرخطری قرار گرفته‌اند (مانند تاس ماهیان)، با جدیت بیشتری مورد استفاده قرار گیرند. یکی از مهم‌ترین خصوصیات استفاده از اطلاعات ژنومیکس، مدیریت بهتر ذخایر وحشی با شناسایی جمعیت‌های سازش یافته به عوامل محیطی خاص آن-ها بوده که این امر باعث حفظ و ارتقای تنوع ژنتیکی در جمعیت‌ها و ذخایر وحشی آبزیان و در نتیجه ارتقای وضعیت ماندگاری گونه در اکوسیستم می‌شود. شناسایی واحدها و ذخایر ژنتیکی وحشی مجزا از یکدیگر و استفاده از اطلاعات ژنومیک، از مهم‌ترین ابزارهای مدیریت نوین‌ترین ذخایر و ماهی‌گیری بوده که طی آن مقاومت جمعیت‌های وحشی آبزیان به تغییرات اقلیمی و صید بیش از حد (به عنوان اصلی‌ترین عوامل تحدید کننده جمعیت ماهی‌ها) ارزیابی و سیاست‌های جدید برداشت و حفاظت گونه‌ها بر اساس آن‌ها تعیین می‌گردد.

جمع‌بندی و پیشنهادات ترویجی

با توجه به افت شدید ذخایر وحشی ماهیان خاویاری، شناسایی جمعیت‌ها و زیرجمعیت‌های احتمالی از هر کدام از گونه‌های موجود در دریای خزر از اهمیت بالایی از نظر حفاظت گونه (حفاظت ژنومیکی) و هم‌چنین ردیابی آن‌ها (موجود زنده و خاویار) برخوردار است. بدین منظور پیشنهاد می‌گردد تا مدیریت کامل بر حوضه جنوبی دریای خزر با انجام گشت‌های دریایی و رودخانه‌ای به صورت فصلی و منطقه‌ای صورت گیرد و بتوان با استفاده از تگ‌های ژنتیکی به‌دست آمده از نوین‌ترین روش توالی‌یابی مبتنی بر NGS مانند GBS، نقش مهمی در خصوص ایجاد پایگاه داده، ثبت ژنتیکی و تهیه شناسنامه ژنتیکی و حفاظت در سطح ژنومیکی ذخایر با ارزش ماهیان خاویاری در حوضه جنوبی دریای خزر ایفا کرد. علاوه بر این پیشنهاد می‌گردد تا با همکاری کشورهای حاشیه دریای خزر در خصوص تهیه SNP-Chip ویژه ماهیان خاویاری اقدام گردد تا بدین وسیله امکان یکپارچه سازی ردیابی آن‌ها در دریا و هم‌چنین از طریق خاویار آن‌ها فراهم گردد تا از این‌رو نیز با شناسایی و جلوگیری از تجارت خاویار مولدین وحشی این ماهیان در بازارهای جهانی بتوان کنترل بیشتری بر فشار صید و مدیریت ذخایر این ماهیان با ارزش فراهم کرد. با توجه به این