Journal of Fisheries
Vol. 77, No. 3, Autumn 2024
pp. 195-208

Measuring the beta diversity of fishes in the Urmia Lake basin

Hamed Shabanloo[1], Soheil Eagderi[2*], Hadi Poorbagher[2]

1. PhD Student, Department of Fisheries, Faculty of Natural Resources, University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran
2. Associate Professor, Department of Fisheries, Faculty of Natural Resources, University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

Received: 24-Apr-2024 **Accepted: 12-Jul-2024**

Abstract
The biodiversity of any region is the key to the stability and health of its natural environment. Measuring beta diversity is one of the key components of biodiversity. Freshwater ecosystems are more vulnerable to biodiversity loss due to destructive human activities. For this purpose, in the present study, beta biodiversity was measured in the fishes of the Urmia Lake basin. In this basin, there are 10 rivers with permanent flow potential. Sampling, species identification, and coordinates were recorded from the lower reaches of the rivers. Fish presence data, which included genus, species, longitude, and latitude, were entered into the MySQL database management system. The adespatial package in R was used to calculate the Jaccard matrix, square root calculation and beta diversity. A total of 30 species in 25 genera belonging to 7 families were sampled. According to the results, the most presence points belonged to *Barbus lacerta*, and the least number of presence points belonged to *Sander lucioperca*, and across spatial scales, species beta diversity was mainly explained by nestedness patterns. Knowledge of beta diversity patterns and biodiversity conservation mechanisms is important for developing conservation strategies, and the present study's findings can have important achievements for optimizing the conservation planning of this basin's species.

Keywords: Beta diversity, Biodiversity, Species richness, Freshwater ecosystem

* Corresponding author: Soheil Eagderi Email: soheil.eagderi@ut.ac.ir

شیلات، مجله منابع طبیعی ایران
دوره ۷۷، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۳
صفحات ۲۰۸-۱۹۵

محاسبهٔ تنوع زیستی بتا در ماهیان حوضه دریاچه ارومیه

حامد شعبانلو[۱]، سهیل ایگدری[۲*]، هادی پورباقر[۲]

۱. دانشجوی دکتری، گروه شیلات، دانشکدهٔ منابع طبیعی، دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران
۲. دانشیار گروه شیلات، دانشکدهٔ منابع طبیعی، دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۲/۰۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۴/۲۲

چکیده

تنوع زیستی هر منطقه کلید پایداری و سلامت محیط‌زیست طبیعی آن است، و اندازه‌گیری تنوع بتا یکی از مؤلفه‌های کلیدی تنوع زیستی محسوب می‌شود. اکوسیستم‌های آب شیرین به‌دلیل فعالیت‌های مخرب انسانی در برابر از دست دادن تنوع زیستی، آسیب‌پذیرتر هستند. بدین‌منظور در مطالعهٔ حاضر تنوع زیستی بتا در ماهیان حوضه دریاچه ارومیه محاسبه شد. در این حوضه تعداد ۱۰ رودخانه با پتانسیل جریان دائمی وجود دارد که از پایین‌دست رودخانه‌ها اقدام به نمونه‌برداری، شناسایی گونه و ثبت مختصات شد. داده‌های حضور ماهی که شامل جنس، گونه، طول و عرض جغرافیایی بود وارد سیستم مدیریت پایگاه دادهٔMySQL گردید. داده‌های تکراری از نظر طول و عرض جغرافیایی و گونه حذف شدند. برای محاسبهٔ تنوع بتا از ماتریس نامشابهت جاکارد استفاده شد. برای محاسبهٔ ماتریس جاکارد، محاسبهٔ ریشهٔ دوم و تنوع بتا از بستهٔ نرم‌افزاری adespatial در R استفاده گردید. در مجموع ۳۰ گونه در ۲۵ جنس متعلق به ۷ خانواده نمونه‌برداری شد. طبق نتایج، بیشترین و کمترین نقاط حضور به‌ترتیب مربوط به گونه‌های *Barbus lacerta* و *Sander lucioperca* بود و نسبت مؤلفهٔ آشیانه‌ای در تنوع بتای کل بیشتر از مؤلفهٔ جایگزینی بود. آگاهی از الگوهای تنوع بتا و مکانیسم‌های حفظ تنوع زیستی برای توسعهٔ راهبردهای حفاظتی حائز اهمیت است و یافته‌های مطالعهٔ حاضر می‌تواند دستاوردهای مهمی برای بهینه‌سازی برنامه‌ریزی حفاظتی ماهیان این حوضه داشته باشد.

واژگان کلیدی: تنوع بتا، تنوع زیستی آب شیرین، مؤلفهٔ آشیانه‌ای، مؤلفهٔ جایگزینی

* نویسنده مسئول: سهیل ایگدری
Email: soheil.eagderi@ut.ac.ir

۱. مقدمه

منحصر به‌فردترین ویژگی کرهٔ زمین وجود حیات است و خارق‌العاده‌ترین ویژگی حیات تنوع آن است (Cardinale *et al*., 2012). تنوع زیستی که امروزه روی زمین مشاهده می‌شود، نتیجهٔ ۳/۵ میلیارد سال تکامل است (Ardura *et al*., 2011). بنابراین تنوع زیستی به‌عنوان گنجینهٔ زیستی یا بانکی از داده‌های زیست‌شناختی در نظر گرفته می‌شود و شکل‌های متفاوتی از زندگی در سطح سیارهٔ زمین را نشان می‌دهد (Ghasemi *et al*., 2015; Eagderi and Moradi 2017). امروزه تنوع زیستی شامل کل گوناگونی‌های زیستی از سطح ژن تا اکوسیستم است (Purvis and Hector, 2000). به‌عبارتی دیگر، مفهوم تنوع زیستی سه سطح مختلف از سیستم طبیعی را در نظر می‌گیرد: ۱) تنوع گونه‌ها (تنوع اشکال زنده)، ۲) تنوع ژنتیکی و ۳) تنوع اکوسیستم (Alho, 2008). کاهش تنوع زیستی، خطر انقراض گونه‌ها را افزایش می‌دهد. زیرا از دست رفتن یک گونه به‌صورت زنجیره‌ای روی دیگر گونه‌ها تأثیر می‌گذارد. هر چه تنوع گونه‌ای در یک بوم‌سازگان بیشتر باشد، زنجیره‌های تغذیه‌ای طولانی‌تر و شبکه‌های حیاتی پیچیده‌تر بخواهد بود و در نتیجه محیط پایدارتر و از شرایط خود تنظیمی بیشتری برخوردار می‌شود، بنابراین تنوع زیستی هر منطقه کلید پایداری و سلامت محیط‌زیست طبیعی آن است (Ghasemi *et al*., 2015).

هرچند برای اندازه‌گیری تنوع زیستی، شاخص‌های زیادی معرفی شده ولی این شاخص‌ها عموماً توجهی به مقیاس مکانی ندارند. تنوع گونه‌ای در مقیاس مکانی برای اولین بار با استفاده از سه اصطلاح آلفا (α)، بتا (β) و گاما (γ)، توسط ویتاکر کمّی‌سازی شد. با توجه به اینکه شاخص تنوع آلفا و گاما به نوعی معادل شاخص غنای گونه‌ای با مقیاس‌های مختلف هستند، شاخص تنوع بتا کمتر مورد توجه محققان قرار گرفته است (Jafarian *et al*., 2021). تنوع آلفا با اینکه بیشتر از دیگر سطوح تنوع زیستی، مورد مطالعه قرار گرفته است اما چون مقدار آن با بیشتر شدن تعداد افراد یا واحدهای نمونه افزایش می‌یابد، غنای مشاهده شده در آن تقریباً همیشه کمتر از غنای واقعی برآورد می‌گردد (Cardoso *et al*., 2015). از سویی دیگر فرآیندهای اکولوژیک می‌توانند به تنظیم تنوع آلفا هنگام مواجه با آشفتگی کمک نمایند و به این ترتیب موجب عدم تغییر تنوع آلفا شده و اثرات آشفتگی را بر تغییرات قابل توجه ساختار جوامع پنهان کنند. بنابراین، تنوع آلفا همیشه یک معیار آگاهی‌بخش از تنوع زیستی نیست (Erfani *et al*., 2021). تنوع بتا، تفاوت ترکیب گونه‌ای و تغییرات تنوع از یک زیستگاه یا جامعه به زیستگاه یا جامعه‌ای دیگر در محیط است. میزان تنوع بتا به ثبات محیط‌زیست بستگی دارد و از طریق تنوع بتا می‌توان تغییرات تنوع گونه‌ای (تعداد و یکنواختی آنها) را بین جوامع مختلف و در طول گرادیان‌های محیطی بررسی کرد (Ghelishli *et al*., 2016).

تنوع بتا را می‌توان به دو مؤلفهٔ جایگزینی گونه[1] و آشیانه‌ای[2] (ایجاد یا از بین رفتن گونه)، تفکیک کرد (Legendre, 2014). مؤلفهٔ آشیانه‌ای نوعی الگوی تفاوت غنای گونه‌ای است و زمانی اتفاق می‌افتد که جوامع ضعیف از نظر غنای گونه‌ای، زیر مجموعه‌ای از جوامع غنی باشند و معمولاً توسط فرآیندهای تصادفی ایجاد می‌شود. در واقع مؤلفهٔ آشیانه‌ای یک خاصیت مربوط به جوامع است، نه تک گونه‌ها و به‌عنوان معیاری از نظم زیست‌جغرافیایی در توزیع گونه‌ها تفسیر شده است (Fleishman *et al*., 2007). در این رابطه دو مکان آشکارا ترکیب گونه‌ای متفاوتی دارند (یعنی غنی‌ترین مکان دارای گونه‌های منحصربه‌فردی است که در فقیرترین مکان وجود ندارد)، اما هیچ گونه‌ای با گونه‌های دیگری جایگزین نمی‌شود. مؤلفهٔ جایگزینی زمانی رخ می‌دهد که تغییرات در ترکیب گونه‌ها از طریق جایگزینی گونه‌ها به‌دنبال تغییر شرایط اکولوژیکی یا محیطی رخ دهد (Schmidt *et al*., 2022). تنوع بتا به درستی، تفاوت بین جوامع زیستی را کمّی‌سازی می‌کند و معنای «تفاوت» که اینجا برای جوامع زیستی اعمال می‌شود یک بُعدی نیست، زیرا جوامع می‌توانند در ترکیب گونه‌ای (برخی از گونه‌ها با دیگر گونه‌ها جایگزین شوند)، غنای گونه‌ای (یک جامعه دارای گونه‌های بیشتری نسبت به دیگری باشد) یا هر دو متفاوت باشند (Baselga and Leprieur, 2015). مطالعات اخیر نشان داده است که عدم تمایز بین این دو مؤلفه ممکن است درک ما را از فرآیندهای درگیر در تنوع بتا مخدوش کند و تصور شود که جایگزینی گونه‌ها و مؤلفهٔ آشیانه‌ای دو پدیدهٔ متضاد هستند (Tisseuil *et al*., 2012).

تحقیقات مبتنی بر تنوع زیستی مدت‌هاست که روی

[1] Turnover
[2] Nestedness

مهره‌داران خشکی‌زی و گیاهان، متمرکز بوده و مطالعات روی اکوسیستم‌های آب شیرین محدود بوده است (Oikonomou and Stefanidis, 2020). اکوسیستم‌های آب شیرین به‌دلیل فعالیت‌های مخرب انسانی در برابر از دست دادن تنوع زیستی، آسیب‌پذیرتر هستند و ماهیان آب شیرین به‌طور خاص در برابر این تأثیرات در معرض خطر هستند (Gavioli *et al*., 2022). فقدان دانش کافی در مورد تنوع زیستی، یک مانع برای برنامه‌ریزی حفاظت محسوب می‌شود و در مسیر حفظ تنوع زیستی جهان چالش‌برانگیز است (Geiger *et al*., 2014). این پرسش که آیا الگوهای تنوع بتا با مؤلفهٔ آشیانه‌ای یا جایگزینی مشخص می‌شوند یا خیر، متضمن استراتژی‌های حفاظتی گوناگونی است (Bevilacqua and Terlizzi, 2020). بنابراین تنوع بتا یک مفهوم مهم است که زیربنای بسیاری از تئوری‌ها و اقدامات حفاظتی است (Barton *et al*., 2013). همچنین تنوع بتا می‌تواند ماهیت پویای الگوهای تنوع زیستی را بهتر از معیارهای ساده تنوع آلفا یا گاما نشان دهد (Soininen *et al*., 2018). از این‌رو اندازه‌گیری تنوع بتا یکی از مؤلفه‌های کلیدی تنوع زیستی محسوب می‌شود که می‌تواند نقش مهمی در بهبود و توسعهٔ برنامه‌های مدیریتی داشته باشد (Villéger *et al*., 2012).

حوضهٔ دریاچه ارومیه در شمال غربی ایران زیستگاه‌های مناسب و مساعدی برای حضور گونه‌های متنوع آبزیان را به‌وجود آورده و از لحاظ بوم‌شناختی حائز اهمیت می‌باشد (Ghasemi *et al*., 2015; Eagderi *et al*., 2018). به‌رغم اهمیت این حوضه، متأسفانه تاکنون مطالعات اندکی پیرامون سیستم‌های رودخانه‌ای آن از جمله تنوع زیستی آن انجام شده است (Radkhah *et al*., 2020). بنابراین در این مطالعه بر حوضهٔ ارومیه، به عنوان یکی از کانون‌های تنوع زیستی، تمرکز شد، زیرا در آن تنوع زیستی بومی، از جمله چندین گونهٔ بومزاد وجود دارد. نتیجهٔ چنین مطالعه‌ای می‌تواند وضعیت فعلی تنوع زیستی ماهیان آب شیرین این حوضه را نشان داده و مبنایی جهت مقایسه برای تغییرات آتی باشد.

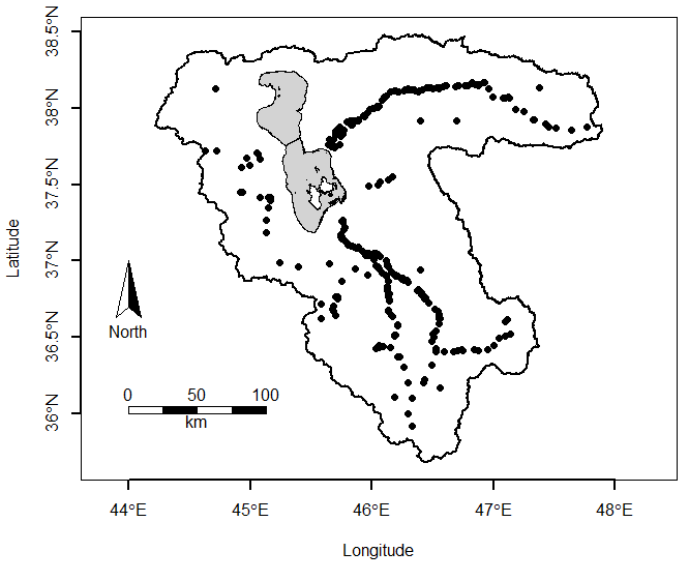
۲. مواد و روش‌ها

۱.۲. منطقهٔ مورد مطالعه

منطقهٔ مورد مطالعه حوضهٔ دریاچه ارومیه است که معادل بیش از ۳٪ مساحت کل کشور ایران است و از نظر جغرافیایی بین مدار ۳۵ درجه و ۴۰ دقیقه تا ۳۸ درجه و ۲۹ دقیقه عرض شمالی و ۴۴ درجه و ۱۳ دقیقه تا ۴۷ درجه و ۵۳ دقیقه طول شرقی قرار گرفته است (Goudarzi *et al*., 2018). مساحت این حوضه حدود ۵۱۸۷۶ کیلومتر مربع است و بین ۳ استان آذربایجان غربی (۵۳ درصد)، آذربایجان شرقی (۳۷ درصد) و کردستان (۱۰ درصد) مشترک است (Hesami and Amini, 2016). در این حوضه تعداد ۱۰ رودخانه با پتانسیل جریان دائمی وجود دارد (۱- نازلوچای، ۲- آجی‌چای، ۳- زرینه‌رود، ۴- سیمینه‌رود، ۵ - مهابادچای، ۶- گدارچای، ۷- باراندوزچای، ۸- شهرچای، ۹- روضه‌چای و ۱۰- زولاچای) و از نظر تأمین آب، چهار رودخانهٔ زرینه‌رود، سیمینه‌رود، آجی‌چای و نازلوچای به‌ترتیب با سهم جریان ۴۱، ۱۱، ۱۰ و ۶ درصد نقش کلیدی دارند (Yasi, 2017). رودخانه‌های این حوضه براساس منابع تأمین کنندهٔ آب در شرق و غرب دریاچه به دو صورت مختلف دیده می‌شوند. رودخانه‌های شرق و جنوب شرق دریاچه که از منابع پر آب مانند ارتفاعات سهند و سبلان و چهل‌چشمهٔ کردستان نشأت می‌گیرند و دارای مسیر نسبتاً طولانی‌تری هستند و رودخانه‌های دائمی می‌باشند. تلخه‌رود، زرینه‌رود، سیمینه‌رود و صوفی‌چای از جمله این رودخانه‌ها هستند (Ahmadaali *et al*., 2017). رودخانه‌های غربی، جنوب غربی و شمال دریاچه دارای مسافتی کوتاه‌تر و آب کمتری می‌باشند و شامل گدارچای، نازلوچای و زولاچای هستند (Yamani and Abbasi, 2020).

۲.۲. داده‌های مکانی حضور ماهی

برای ثبت طول و عرض جغرافیایی نقاط نمونه‌برداری از دستگاه GPS استفاده شد (Garmin eTrex 30X, Taiwan). نقاطی نمونه‌برداری در شکل ۱ نشان داده شده است. از دستگاه الکتروشوکر (SAMUS 750) با الکتریسیتهٔ مستقیم پالس‌دار با ولتاژ ۱۰۰۰، برای جمع‌آوری ماهیان در رودخانه‌های حوضهٔ دریاچه ارومیه استفاده گردید. برای این منظور از پایین‌دست رودخانه‌ها اقدام به نمونه‌برداری، شناسایی گونه و ثبت مختصات شد. نمونه‌برداری در رودخانه‌ها در سه مسیر مختلف در خلاف جهت جریان انجام شد. ماهیان نمونه‌برداری شده سپس در ظرفی در کنار رودخانه نگهداری، شناسایی گردید و پس از شناسایی (Eagderi *et al*., 2022) و شمارش نمونه‌ها رهاسازی شدند. داده‌های حضور ماهی که شامل جنس، گونه، طول و عرض جغرافیایی وارد سیستم مدیریت پایگاه دادهٔ MySQL (نسخه 8.0.31) شدند و داده‌های تکراری از نظر طول و عرض جغرافیایی هر گونه حذف گردید.



شکل ۱- نقشه نقاط نمونه‌برداری شده (●) در حوضه دریاچه ارومیه پس از حذف نقاط تکراری. دریاچه ارومیه در تصویر به رنگ خاکستری نشان داده شده است.

۳.۲. محاسبهٔ تنوع بتا

داده‌های مکانی حضور ماهی ساختار طولی[1] داشتند. برای محاسبهٔ تنوع بتا لازم بود تا داده‌ها به فرم عرضی[2] درآیند. برای این منظور از پکیج rshape2 در نرم‌افزار R استفاده گردید. برای محاسبهٔ تنوع بتا از ماتریس نامشابهت جاکارد[3] استفاده شد. نظر به اینکه ماتریس فوق نا اقلیدسی[4] است، Legendre و De Cáceres (۲۰۱۳) توصیه نموده‌اند که ریشهٔ دوم این ماتریس قبل از محاسبهٔ تنوع بتا گرفته شود تا ماتریس حاصل اقلیدسی شود. برای محاسبهٔ ماتریس جاکارد، محاسبهٔ ریشهٔ دوم و تنوع بتا از پکیج adespatial در R استفاده شد. به این ترتیب هم برای کل حوضهٔ دریاچه ارومیه و هم برای نقاط نمونه‌برداری تنوع بتا، مقدار تنوع حاصل از جایگزینی[5] و آشیانه‌ای شدن[6] محاسبه شد.

۳. نتایج

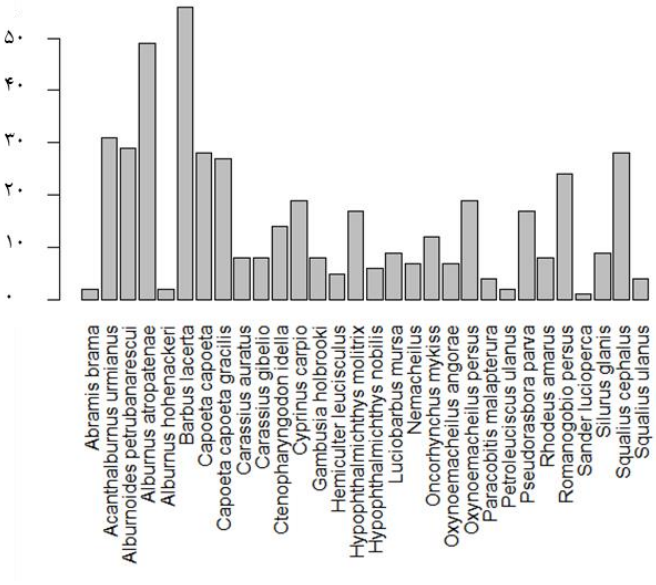
نقاط حضور به تفکیک گونه در نقشه شکل ۲ نشان داده شده است. بیشترین نقاط حضور به گونهٔ *Barbus lacerta* و کمترین تعداد آن گونهٔ *Sander lucioperca* تعلق داشت.

براساس نتایج، در مجموع ۳۰ گونه در ۲۵ جنس متعلق به ۷ خانواده نمونه‌برداری شد و گونه‌های *Barbus lacerta* و *Alburnus atropatenae* به‌ترتیب با تعداد ۶۴ و ۴۹ مکان حضور در رودخانه‌های حوضهٔ آبریز ارومیه، مهمترین گونه‌های این منطقه بودند (شکل ۳).

مطابق نتایج شکل ۳، پس از گونهٔ *Sander lucioperca* با تنها یک نقطهٔ حضور، گونه‌های *Abramis brama*، *Alburnus hohenackeri* و *Petroleuciscus ulanus* هر یک با دو نقطهٔ حضور کمترین فراوانی حضور را در این حوضه داشتند و نادرترین ماهیان بودند.

[1] Long
[2] Wide
[3] Jaccard dissimilarity matrix
[4] Non-Euclidean
[5] Replacement
[6] nestedness

شکل ۲- نقاط حضور هر کدام از گونه‌های ماهیان در حوضه دریاچه ارومیه

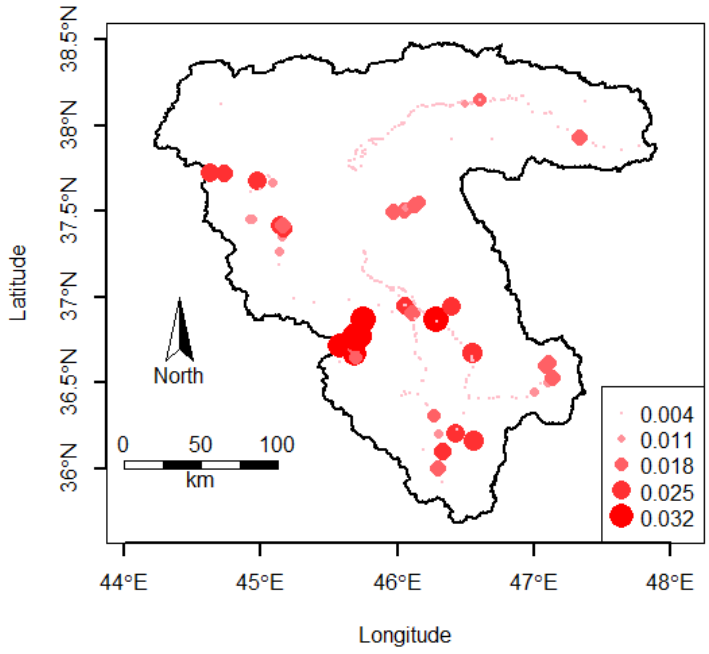


شکل ۳- نمودار فراوانی نقاط حضور گونه‌های ماهیان در حوضهٔ دریاچه ارومیه

۳.۲. مقدار تنوع بتا

با توجه به نقاط حضور و فراوانی گونه‌ها در رودخانه‌های حوضهٔ ارومیه، تنوع بتا ناشی از مؤلفهٔ آشیانه‌ای در شکل ۴ با لکه‌های قرمز رنگ نشان داده شده است. نسبت مؤلفهٔ آشیانه‌ای در تنوع بتای کل، بیشتر از مؤلفهٔ جایگزینی بود (شکل ۶). بخش‌های حاشیه‌ای و دورتر گرادیان رودخانه‌ها بیشترین تغییرات را در ترکیب گونه‌ها به‌دلیل تفاوت غنای بین اجتماعات آشیانه‌ای نشان دادند.

هنگامی که بُعد مکانی آشیانه‌ای شدن را در نظر می‌گیریم، نتایج حاصل یک الگوی کلی کاهش مؤلفهٔ آشیانه‌ای را در امتداد شیب رودخانه از بالادست به پایین‌دست رودخانه نشان می‌دهد (شکل ۴). با این حال مقادیر مؤلفهٔ آشیانه‌ای حاکی از سهم عمدهٔ آن در مقدار تنوع بتای کل است. مقدار تنوع بتا ناشی از مؤلفهٔ آشیانه‌ای در حوضهٔ دریاچه ارومیه از ۰/۰۰۴ تا ۰/۰۳۲ متغیر است.



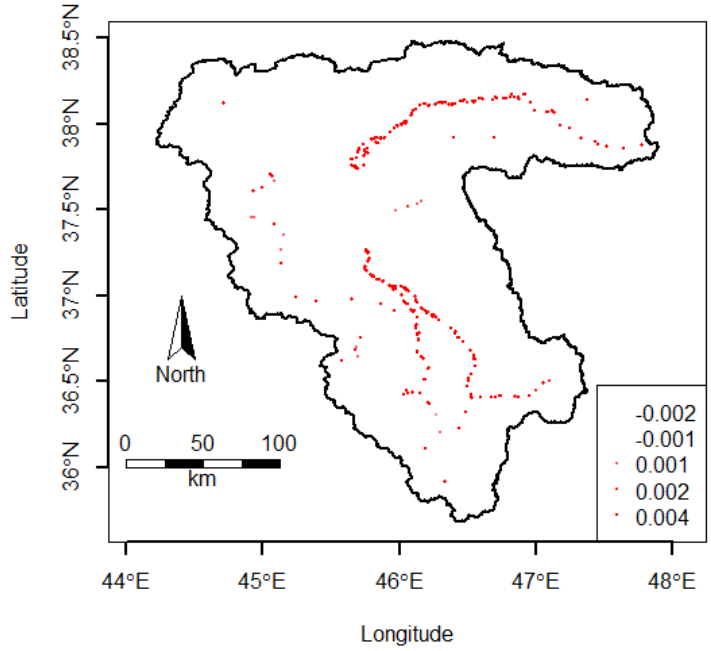
شکل ۴- مقدار تنوع بتا ناشی از مؤلفهٔ آشیانه‌ای در حوضهٔ دریاچهٔ ارومیه

در شکل ۵ تنوع بتا ناشی از جایگزینی گونه‌ای به‌صورت نقاط قرمز رنگ در حوضهٔ آبریز دریاچهٔ ارومیه مشاهده می‌شود. براساس نتایج، تنوع بتا در بخش میانی شیب رودخانه‌ها عمدتاً ناشی از مؤلفهٔ جایگزینی گونه‌ای است. قسمت میانی شیب رودخانه‌ها میزبان تعداد زیادی از گونه‌ها بود. مقدار تنوع بتا ناشی از جایگزینی گونه‌ای در حوضهٔ دریاچهٔ ارومیه از ۰/۰۰۲- تا ۰/۰۰۴ متغیر است.

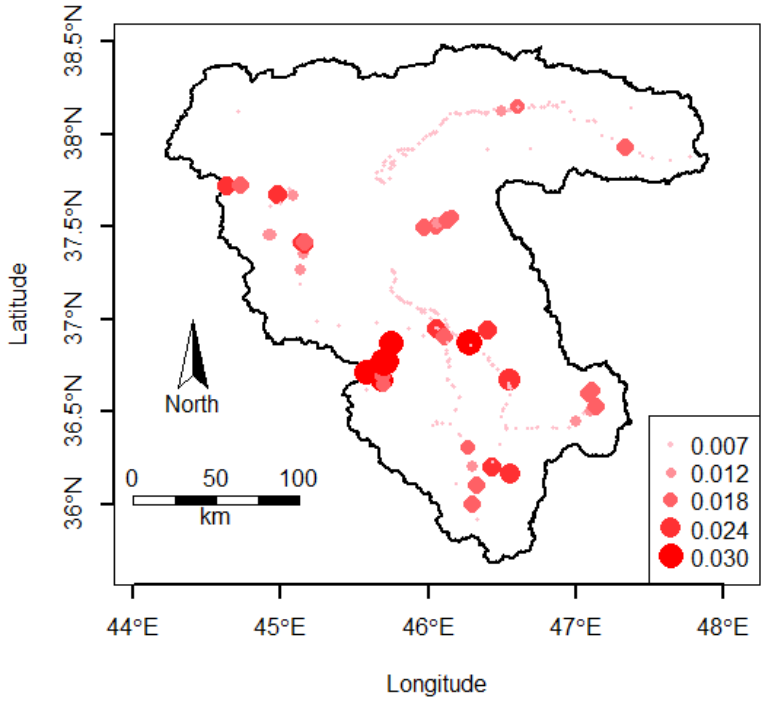
در شکل ۶ تنوع بتا کل در حوضهٔ آبریز دریاچهٔ ارومیه به‌صورت دوایر توپر قرمز رنگ دیده می‌شود. نتایج (شکل ۶) نشان می‌دهد که تنوع بتا حوضهٔ ارومیه به‌شدت ناشی از تنوع در مؤلفهٔ آشیانه‌ای بین رودخانه‌ها است و به‌میزان بسیار کمتری به مؤلفهٔ جایگزینی مربوط می‌شود. مقدار تنوع بتا کل در حوضهٔ دریاچهٔ ارومیه از ۰/۰۰۷ تا ۰/۰۳۰ متغیر است.

۳. بحث و نتیجه‌گیری نهایی

بخش زیادی از نقاط حضور گونه‌ها مربوط به رودخانه‌های مهم و پرآب حوضهٔ ارومیه از جمله آجی‌چای، زرینه‌رود و سیمینه‌رود بود که از نظر تأمین آب نیز در حوضهٔ آبریز ارومیه نقش حیاتی دارند و در مجموع بیش از ۶۰ درصد آب حوضه دریاچه ارومیه را فراهم می‌کنند (Soudi *et al.*, 2019). بیشترین نقاط حضور ماهیان، مربوط به گونه سس ماهی کورا (*Barbus lacerta*) بود (شکل ۲) که این یافته در انطباق با مطالعهٔ Ghasemi و همکاران (۲۰۱۵) در مورد تنوع ماهیان رودخانه‌های حوضهٔ شرق دریاچهٔ ارومیه بود که در آن مشخص شد گونهٔ *Barbus lacerta* در سراسر طول مسیر رودخانه‌های آجی‌چای (تلخه‌رود)، قلعه‌چای، صوفی‌چای و مردوق‌چای پـراکنش داشت و زیستگـاهش محدود به ارتفـاع معینی نبود.



شکل ۵- مقدار تنوع بتا ناشی از جایگزینی گونه‌ای در حوضهٔ دریاچهٔ ارومیه



شکل ۶- مقدار تنوع بتا کل در حوضهٔ دریاچهٔ ارومیه

این ماهی به تعداد فراوان در بیشتر رودخانه‌های حوضه‌های محل پراکنش خود شامل حوضهٔ دریاچهٔ ارومیه، حوضهٔ دریای خزر و حوضهٔ دجله (Mouludi-Saleh *et al.*, 2022) یافت می‌شود (Jamali Ashtiani *et al.*, 2016). گونهٔ *Sander lucioperca* کمترین تعداد نقاط حضور را به‌خود اختصاص داد (شکل ۲). این یافته با مطالعهٔ Ghasemi و همکاران (۲۰۱۵)

همخوانی داشت که براساس آن، گونهٔ *Sander lucioperca* در بین ۱۰ رودخانهٔ حوضهٔ ارومیه (آجی‌چای، زرینه‌رود، سیمینه‌رود، قلعه‌چای، صوفی‌چای، مردوق‌چای، مهابادچای، شهرچای، گدارچای و نازلوچای) فقط در رودخانه مهابادچای مشاهده شد. با این وجود، این گونه در خزر شمالی، مناطق مصبی رودخانه‌های ولگا، کورا، ارس و سفیدرود و تالاب انزلی حضور دارد و حتی در دریاچهٔ پشت سد ارس با ۳۷/۳ درصد، بیشترین فروانی گونه‌های ماهیان این دریاچه را به‌خود اختصاص داده است (Rahimibashar *et al*., 2008). گونهٔ *Sander lucioperca* در سال ۱۹۷۱ به‌عنوان یک گونهٔ کنترل‌گر برای ماهیان نامطلوب در ۷۰ کیلومتری بالادست میاندوآب در زرینه‌رود ذخیره شد. این گونه یکی از گونه‌های تجاری مهم ایران است که در معرض خطر انقراض قرار دارد (Javid Rahmdel and Falahatkar, 2020).

در این مطالعه مقادیر مؤلفهٔ آشیانه‌ای تنوع بتا بین رودخانه‌های حوضهٔ آبریز دریاچهٔ ارومیه بیشتر از مؤلفهٔ جایگزینی بود و سهم عمده‌ای از تنوع بتای کل را به‌خود اختصاص داده است. این یافته در انطباق با مطالعهٔ Pool و همکاران (۲۰۱۴) است که در آن تنوع بتا در حوضه‌های آبریز فرانسه عمدتاً ناشی از مؤلفهٔ آشیانه‌ای بود و به میزان کمتری به مؤلفهٔ جایگزینی مربوط می‌شد همچنین Leprieur و همکاران (۲۰۰۹) به‌طور مشابه، مؤلفهٔ آشیانه‌ای بالاتری را در تنوع بتا ماهیان بومی در مقیاس حوضهٔ یک رودخانهٔ اصلی در اروپا مشاهده کردند. آنها بیان داشتند که حوزه‌های آبریز با ارزش تنوع بتا بالا تمایل به مؤلفهٔ آشیانه‌ای نسبتاً کم دارند و عمدتاً از گونه‌های معمولی و برخی از گونه‌های نسبتاً کمیاب تشکیل شده‌اند. الگوهای آشیانه‌ای در اکوسیستم‌های آب شیرین رایج هستند (Pires *et al*., 2017). مؤلفهٔ آشیانه‌ای با فرآیندهای اکولوژیکی مرتبط با از دست دادن گونه‌ها مرتبط است. به‌عنوان مثال، تکه تکه شدن زیستگاه منجر به از بین رفتن گونه‌های منطقه‌ای می‌شود و یوتریفیکاسیون، مؤلفهٔ آشیانه‌ای را در دریاچه‌ها و رودخانه‌ها کاهش می‌دهد (Wang and Han, 2023). همچنین ممکن است مؤلفهٔ آشیانه‌ای در آب‌های شیرین به مهاجرت تصادفی مرتبط باشد (Soininen and Köngäs, 2012). در واقع مؤلفهٔ آشیانه‌ای در صورتی رخ می‌دهد که گونه‌های از دست رفته را نتوان با گونه‌های دیگر از مکان‌های مجاور آنها جایگزین کرد. در مقابل، از دست دادن گونه با افزایش گونه در طول جایگزینی تعدیل می‌شود. بنابراین، مؤلفهٔ آشیانه‌ای بیشتر در هنگام اختلالات شدید محیطی رخ می‌دهد. پس مؤلفهٔ آشیانه‌ای نیز باید از نظر آماری با انتخاب محیطی (گرادیان) مرتبط باشد (Wang and Han, 2023). این نتایج نشان می‌دهد که تأثیرات مقیاس مکانی بر مؤلفهٔ آشیانه‌ای ممکن است وجود گرادیان‌هایی را در ناهنجاری فیزیکی نشان دهد که در سیستم‌های جریان متناوب هنگامی که نواحی در طول رویدادهای خشک شدن جدا می‌شوند، رخ می‌دهد (Schmidt *et al*., 2022). تخریب ناشی از فعالیت‌های انسانی تنوع گونه‌ها را به‌طور تصادفی کاهش نمی‌دهد، بلکه گونه‌های خاصی را براساس خطر انقراض یا آسیب‌پذیری آنها حذف می‌کند (Wang and Han, 2023). مؤلفهٔ آشیانه‌ای همچنین ممکن است به‌دلیل تُنُک‌سازی یا سایر فرآیندهای اکولوژیکی (مانند موانع فیزیکی) گونه‌ها باشد که باعث آشیانه‌ای شدن تنوع بتا می‌شود. برای داده‌های واقعی زیست‌محیطی، جایگزینی و آشیانه‌ای شدن به‌طور مشترک به تمایز مکان‌ها کمک می‌کند (Legendre, 2014).

براساس نتایج این مطالعه، سهم مؤلفه‌های جایگزینی و آشیانه‌ای از نظر جغرافیایی در تنوع بتای ماهیان رودخانه‌های این حوضه متفاوت بود. این یافته در انطباق با نتایج مطالعهٔ Leprieur و همکاران (۲۰۱۱) بود که عنوان داشتند میزان مؤلفه‌های جایگزینی و آشیانه‌ای در تنوع بتای ماهیان آب شیرین از نظر جغرافیایی متفاوت است. اما در مطالعهٔ آنها مؤلفهٔ جایگزینی سهم غالبی در تنوع بتای کل ماهیان آب شیرین حوضه‌های با ثبات اقلیمی را نشان داد. به‌طور کلی فاصلهٔ جغرافیایی پیش‌بینی‌کنندهٔ قوی‌تری برای تنوع بتا نسبت به فاصله‌های ناهمگونی اقلیمی و محیطی است (Griffiths, 2017). در مطالعهٔ Qian و همکاران (۲۰۲۱) نیز نشان داده شد که روابط معیارهای تنوع بتا با فواصل جغرافیایی در همهٔ موارد قوی‌تر از روابط با فاصله‌های اقلیمی بود. جوامع آشیانه‌ای مانند آنهایی که در اغلب نقاط نمونه‌برداری رودخانه‌های مورد مطالعه در این تحقیق قرار دارند، امکان اولویت‌بندی غنی‌ترین مناطق از نظر عملکردی را برای حفاظت فراهم می‌کنند، در حالی که جوامعی که جایگزینی بالایی را نشان می‌دهند به استراتژی‌های حفاظتی نیاز دارند که مناطق بزرگتر و متصل به یکدیگر را در نظر می‌گیرند (Walsh *et al*., 2022). ممکن است به‌دلیل درجهٔ نسبتاً کم مؤلفهٔ آشیانه‌ای در آب‌های شیرین، صرفاً حفظ متنوع‌ترین مکان‌ها نتواند از گونه‌های کمیاب محافظت کند (Soininen and Köngäs, 2012). اتصال و

ارتباط کم بین زیستگاه‌ها موجب افزایش سهم جایگزینی در تنوع بتا می‌شود (Griffiths, 2017).

رودخانه‌ها و دریاچه‌ها کمتر از ۱ درصد از سطح زمین را پوشش می‌دهند، اما تنوع زیستی قابل توجهی را در بر می‌گیرند، از جمله نزدیک به ۱۸۰۰۰ گونه ماهی که یک چهارم مهره‌داران جهان را تشکیل می‌دهند (Su *et al*., 2021). بنابراین تمرکز این مطالعه عمدتاً معطوف به نشان دادن الگوهای مکانی اهمیت نسبی مؤلفه‌های آشیانه‌ای و جایگزینی در تنوع بتای ماهیان رودخانه‌های حوضهٔ ارومیه بود. ۳۰ گونه ماهی نمونه‌برداری شد که برخی از این گونه‌ها به مکان‌های مختلف محدود شده‌اند که این امر به تنوع در ترکیب گونه‌ها کمک می‌کند. الگوی آشیانه‌ای شناسایی شده به احتمال زیاد با حذف انتخابی گونه‌ها، ارتباط ضعیف بین نقاط آبی، تخریب زیستگاه یا تغییرات عمدهٔ کاربری زمین مرتبط با فعالیت‌های کشاورزی سنتی توصیف می‌شود (Rodríguez *et al*., 2023). جایگزینی گونه‌ها با ناهمگونی محیطی مرتبط است، در حالی که مؤلفهٔ آشیانه‌ای با از دست دادن گونه‌ها مرتبط است. در اکثر مطالعات سهم مؤلفهٔ جایگزینی بزرگتر از مؤلفهٔ آشیانه‌ای گزارش شده است، اما میزان آنها از نظر مکانی متفاوت است (Griffiths, 2017). در مطالعهٔ Zeni و همکاران (۲۰۲۰) که برای بررسی پراکندگی الگوهای تنوع بتای مجموع ماهیان یک اکوسیستم گرمسیری انجام شد، مشخص شد که تنوع بتا عمدتاً ناشی از جایگزینی بوده و با تغییرات محیطی همبستگی نداشت و مقدار آن در طول دورهٔ ۱۰ ساله بررسی، ثابت بود. در زیستگاه‌های بکر و دست‌نخورده که معمولاً دارای گونه‌های بیشتری هستند، از بین رفتن گونه‌ها در میان مکان‌ها رایج است. با این حال، گونه‌های تصادفی از دست رفته می‌توانند به‌سرعت با گونه‌های دیگر با آشیان‌های اکولوژیک مشابه جایگزین شوند (Wang and Han, 2023). با توجه به اینکه رودخانه‌های حوضهٔ آبریز ارومیه تحت فشار کشاورزی و سدسازی و برداشت شن و ماسه قرار دارند، بنابراین شرایطی مشابه با زیستگاه‌های بکر را ندارند و تنوع بتا عمدتاً ناشی از مؤلفهٔ آشیانه‌ای است تا جایگزینی، از این‌رو توصیه می‌شود مناطق با مؤلفهٔ آشیانه‌ای بالا تحت برنامه‌های حفاظتی قرار بگیرند و سیاست‌های مربوط به سدسازی و تکه تکه شدن زیستگاه‌های رودخانه‌ای مورد بازنگری قرار گیرند.

مقادیر تنوع بتای کل، سطوح مهمی از حضور گونه‌ها و تنوع فراوانی بین مکان‌ها را در تمام نقاط نمونه‌برداری حوضهٔ دریاچهٔ ارومیه نشان داد. از آنجا که تنوع بتای کل به دو مؤلفهٔ مذکور تقسیم می‌شود، فرضیه‌های بسیاری برای توصیف این فرآیندهای اکولوژیکی زیربنایی ارائه شده است، زیرا این دو مؤلفه بر مکانیسم‌های متفاوتی در ساختار مجموعه گونه‌ها دلالت دارند (Oikonomou and Stefanidis, 2020). آگاهی از الگوهای توزیع و مکانیسم‌های حفظ تنوع زیستی برای توسعهٔ راهبردهای حفاظت از تنوع زیستی حائز اهمیت بوده و تعیین الگوهای کارکردی تنوع زیستی اکوسیستم‌های آب شیرین و درک عوامل تعیین‌کنندهٔ جامعه می‌تواند به پیش‌بینی تغییرات و اولویت‌بندی اقدامات خاص مدیریت حفاظت کمک کند (Erfani *et al*., 2021). برای مثال، مؤلفهٔ آشیانه‌ای غالب در تنوع بتا، انتخاب ذخایر بزرگ مکان‌های غنی از گونه‌های آشیانه‌ای را توصیه می‌کند، در حالی‌که نرخ بالای جایگزینی لزوماً به‌معنی تعداد بیشتری از مکان‌های حفاظت‌شده برای دستیابی به تنوع مورد نظر است. با این وجود اغلب گنجاندن مکان‌های فقیر از گونه برای تقویت مکان‌های غنی از گونه توصیه می‌شود، حتی در صورت وجود سطح بالای مؤلفهٔ آشیانه‌ای، زیرا زیرمجموعه‌های آشیانه‌ای حقیقی گونه‌ها ممکن است در دنیای واقعی بسیار نادر باشند و یک منطقهٔ بزرگ نمی‌تواند حفاظت جامعی از گونه‌های منطقه‌ای را تضمین کند (Bevilacqua and Terlizzi, 2020).

نتیجه‌گیری نهایی

تمایز مؤلفهٔ آشیانه‌ای یا جایگزینی مکانی تنوع بتا برای بهبود درک ما از مسائل زیست‌جغرافیایی و اکولوژیکی بسیار مهم است. یافته‌های مطالعهٔ حاضر می‌تواند دستاوردهای مفیدی برای بهینه‌سازی برنامه‌ریزی حفاظت داشته باشد و بر نیاز به ارزیابی ویژگی‌های وابسته به زیستگاه در مؤلفه‌های تنوع بتا جهت ارائهٔ تصویری جامع‌تر از سناریوهای حفاظتی احتمالی تأکید نماید.

References ۴. منابع

Ahmadaali, J., Barani, G.-A., Qaderi, K., Hessari, B., 2017. Calibration and Validation of model WEAP21 for Zarrineh Rud and Simineh Rud Basins. *Iranian Journal of Soil and Water Research* 48(4), 823-839. DOI: 10.22059/IJSWR.2017.216989.667543

Alho, C.J.R., 2008. The value of biodiversity. *Brazilian Journal of Biology* 68, 1115-1118. DOI: 10.1590/S1519-69842008000500018

Ardura, A., Planes, S., Garcia-Vazquez, E., 2011. Beyond biodiversity: fish metagenomes. *PLoS One* 6(8), p.e 22592. DOI: 10.1371/journal.pone.0022592

Barton, P.S., Cunningham, S.A., Manning, A.D., Gibb, H., Lindenmayer, D.B., Didham, R.K., 2013. The spatial scaling of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography*, 22(6), 639-647. DOI: 10.1111/geb.12031

Baselga, A. and Leprieur, F., 2015. Comparing methods to separate components of beta diversity. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9), pp.1069-1079. DOI:10.1111/2041-210X.12388

Baselga, A., 2010. Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography* 19(1), 134-143. DOI: 10.1111/j.1466-8238.2009.00490.x

Baselga, A., 2012. The relationship between species replacement, dissimilarity derived from nestedness, and nestedness. *Global Ecology and Biogeography* 21(12), 1223-1232 DOI: 10.1111/j.1466-8238.2011.00756. x

Bevilacqua, S., Terlizzi, A., 2020. Nestedness and turnover unveil inverse spatial patterns of compositional and functional β-diversity at varying depth in marine benthos. *Diversity and Distributions* 26(6), 743-757. DOI: 10.1111/ddi.13025

Cardinale, B.J., Duffy, J.E., Gonzalez, A., Hooper, D.U., Perrings, C., Venail, P., Narwani, A., Mace, G.M., Tilman, D., Wardle, D.A., Kinzig, A.P., 2012. Biodiversity loss and its impact on humanity. *Nature* 486(7401), 59-67.

Cardoso, P., Rigal, F., Carvalho, J.C., 2015. BAT–Biodiversity Assessment Tools, an R package for the measurement and estimation of alpha and beta taxon, phylogenetic and functional diversity. *Methods in Ecology and Evolution* 6(2), 232-236. DOI: 10.1111/2041-210X.12310

Dias, M.S., Oberdorff, T., Hugueny, B., Leprieur, F., Jézéquel, C., Cornu, J.F., Brosse, S., Grenouillet, G., Tedesco, P.A., 2014. Global imprint of historical connectivity on freshwater fish biodiversity. *Ecology Letters* 17(9), 1130-1140. DOI: 10.1111/ele.12319

Eagderi, S, Mouludi-Saleh, A, Esmaeli, H.R., Sayyadzadeh, G., Nasri, M., 2022. Freshwater lamprey and fishes of Iran; a revised and updated annotated checklist-2022. *Turkish Journal of Zoology* 46(6), 500-522. DOI: 10.55730/1300-0179.3104.

Eagderi, S., Jalili, P., Çiçek, E., 2018. *Oxynoemacheilus elsae*, a new species from the Urmia Lake basin of Iran (Teleostei: Nemacheilidae). *FishTaxa* 3(2), 453-459.

Eagderi, S., Moradi, M., 2017. Range extension of the lake goby *Rhinogobius similis* Gill, 1859 (Teleost: Gobiidae) to Urmia Lake basin in northwestern Iran. *Biharean Biologist* 11(2), 123-125.

Erfani, M., Danehkar, A., Salmanm ahiny, A., Etemad, V., 2021. Modeling of Beta Diversity along a Gradient of Disturbance and Environmental Factors in Hyrcanian Forests-Kheyrud Kenar, Nowshahr. *Journal of Environmental Science and Technology* 23(1), 145-158.

Ferrier, S., Manion, G., Elith, J., Richardson, K., 2007. Using generalized dissimilarity modelling to analyze and predict patterns of beta diversity in regional biodiversity assessment. *Diversity and Distributions* 13(3), 252-264. DOI: 10.1111/j.1472-4642.2007.00341.x

Fleishman, E., Donnelly, R., Fay, J.P., Reeves, R., 2007. Applications of nestedness analyses to biodiversity conservation in developing landscapes. *Landscape and Urban Planning* 81(4), 271-281. DOI: 10.1016/j.landurbplan.2007.02.002

Gavioli, A., Milardi, M., Soininen, J., Soana, E., Lanzoni, M., Castaldelli, G., 2022. How does invasion degree shape alpha and beta diversity of freshwater fish at a regional scale? *Ecology and Evolution* 12(11), e9493. DOI: 10.1002/ece3.9493

Geiger, M.F., Herder, F., Monaghan, M.T., Almada, V., Barbieri, R., Bariche, M., Berrebi, P., Bohlen, J., Casal-Lopez, M., Delmastro, G.B. and Denys, G.P., 2014. Spatial heterogeneity in the Mediterranean Biodiversity Hotspot affects barcoding accuracy of its freshwater fishes. *Molecular ecology resources*, 14(6), pp.1210-1221. DOI: 10.1111/1755-0998.12257

Ghasemi, H., Roudbar, A.J., Eagderi, E., Abbasi K., Vatandoust, S., Esmaeili, H.R., 2015. Ichthyofauna of Urmia basin: Taxonomic diversity, distribution and conservation. *Iranian Journal of Ichthyology* 2(3), 177-193.

Ghasemi, H., Roudbar, A.J., Eagderi, S., Abbasi, K., Vatandoust, S., Esmaeili, H.R., 2015. Ichthyofauna of Urmia basin: Taxonomic diversity, distribution and conservation. *Iranian Journal of Ichthyology* 2(3), 177-193 .

Ghelishli, F., Sepehri, A., Akbarloo, M., Mirdeilami S.Z. 2016. Defining main environmental gradient in rangeland habitats using β diversity (Case study: Chaharbagh rangelands of Golestan Province). *Journal of Range Management* 3(1), 51-61. DOI: 10.22069/jrm.2017.9366.1196

Goudarzi, M., Salahi, B., & Hosseini, S. A., 2018 .Estimation of Evapotranspiration Rate Due to Climate Change in the Urmia Lake Basin. *Iranian Journal of Watershed Management Science & Engineering*, 12(41), 1-12.

Griffiths, D., 2017. Connectivity and vagility determine beta diversity and nestedness in North American and European freshwater fish. *Journal of Biogeography* 44(8), 1723-1733. DOI: 10.1111/jbi.12964

Hesami, A., Amini, A,. 2016 .Changes in irrigated land and agricultural water use in the Lake Urmia basin. *Lake and Reservoir Management* 32(3), 288-296. DOI: 10.1080/10402381.2016.1211202

Jafarian, Z., Omidipour, R., Zandi, L., 2021. Effects of altitude and soil properties on alpha and beta diversity in plour rangelands of Mazandaran. *Iranian Journal of Applied Ecology* 10(1), 79-92. DOI: 10.47176/ijae.10.1.2022

Jamali Ashtiani, A., Eagderi, S., Khorasani, N.A., Zamani Faradonbe, M., 2016. Comparison of body shape features of Kura barbel (*Barbus lacerta*, Heckel 1834) in Caspian, Tigris and Uremia Lake basins using geometric morphometrics technique. *Journal of Animal Environment* 7(4), 143-150.

Javid Rahmdel, K., Falahatkar, B., 2020. Principles of pikeperch (*Sander lucioperca*) larviculture. *Journal of Applied Ichthyological Research* 8(5). DOI: 10.22034/jair.8.5.21

Leduc, N., Lacoursière-Roussel, A., Howland, K.L., Archambault, P., Sevellec, M., Normandeau, E., Dispas, A., Winkler, G., McKindsey, C.W., Simard, N., Bernatchez, L., 2019. Comparing eDNA metabarcoding and species collection for documenting Arctic metazoan biodiversity. *Environmental DNA* 1(4), 342-358. DOI:10.1002/edn3.35

Legendre, P., 2014. Interpreting the replacement and richness difference components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography* 23(11), 1324-1334. DOI: 10.1111/geb.12207

Legendre, P., De Cáceres, M., 2013 'Beta diversity as the variance of community data: dissimilarity coefficients and partitioning', Ecology letters. *Wiley Online Library*, 16(8), 951-963. DOI: 10.1111/ele.12141

Leprieur, F., Olden, J. D., Lek, S., Brosse, S., 2009. Contrasting patterns and mechanisms of spatial turnover for native and exotic freshwater fish in Europe. *Journal of Biogeography* 36(10), 1899-1912. DOI: 10.1111/j.1365-2699.2009.02107. x

Leprieur, F., Tedesco, P.A., Hugueny, B., Beauchard, O., Dürr, H.H., Brosse, S., Oberdorff, T., 2011. Partitioning global patterns of freshwater fish beta diversity reveals contrasting signatures of past climate changes. *Ecology letters*, 14(4), 325-334. DOI: 10.1111/j.1461-0248.2011.01589. x

López-Delgado, E.O., Winemiller, K.O., Villa-Navarro, F.A., 2020. Local environmental factors influence beta-diversity patterns of tropical fish assemblages more than spatial factors. *Ecology* 101(2), e02940. DOI: 10.1002/ecy.2940

Mouludi-Saleh, A., Eagderi, S., Poorbagher, H., 2022. Ichthyofauna of the Iranian part of the Sirvan River drainage with the first record of *Cobitis avicenna* and *Oxynoemacheilus euphraticus*. International Journal of Aquatic Biology 10(3), 242-253. DOI: 10.22034/ijab.v 10i3.1639

Oikonomou, A. and Stefanidis, K., 2020. α-and β-diversity patterns of macrophytes and freshwater fishes are driven by different factors and processes in lakes of the unexplored southern Balkan biodiversity hotspot. *Water*, 12(7), p.1984. DOI: 10.3390/w12071984

Pires, M.M., Stenert, C., Maltchik, L., 2017. Partitioning beta-diversity through different pond hydroperiod lengths reveals predominance of nestedness in assemblages of immature odonates. *Entomological Science* 20(1), 318-326. DOI: 10.1111/ens.12263

Pool, T.K., Grenouillet, G., Villéger, S., 2014. Species contribute differently to the taxonomic, functional, and phylogenetic alpha and beta diversity of freshwater fish communities. *Diversity and Distributions* 20(11), 1235-1244. DOI: 10.1111/ddi.12231

Purvis, A. and Hector, A., 2000. Getting the measure of biodiversity. *Nature* 405(6783), 212-219.

Qian, H., Cao, Y., Chu, C., Li, D., Sandel, B., Wang, X., Jin, Y., 2021. Taxonomic and phylogenetic β-diversity of freshwater fish assemblages in relationship to geographical and climatic determinants in North America. *Global Ecology and Biogeography* 30(10), 1965-1977. DOI: 10.1111/geb.13358

Radinger, J., Britton, J.R., Carlson, S.M., Magurran, A.E., Alcaraz-Hernández, J.D., Almodóvar, A., Benejam, L., Fernández-Delgado, C., Nicola, G.G., Oliva-Paterna, F.J., Torralva, M., 2019. Effective monitoring of freshwater fish. *Fish and Fisheries* 20(4), 729-747. DOI: 10.1111/geb.13358

Radkhah, A.R., Eagderi, S., Poorbagher, H., Shams, Y., 2020. Investigation of fish fauna and environmental factors influencing biodiversity in the Zarineh River, Urmia Lake basin (West Azerbaijan Province). *Iranian Scientific Fisheries Journal* 29(1), 81-91.

Rahimibashar, M.R., Alipoor, V., Danesh, M., Alinia, M.R., 2008. Survival of biometrical characteristics, diet, gonad and liver index of (*Sander lucioperca*) in the lake of Arass Dam. *Pajouhesh-Va-Sazandegi* 21(2), 58-65. (In Persian)

Rodríguez, S., Galán, P., Martínez-Abraín, A., 2023. Nestedness Patterns of Amphibian Assemblages in Northwestern Iberia Along an Altitudinal Gradient: *Implications for Conservation*. *Herpetologica* 79(2), 79-90. DOI: 10.1655/HERPETOLOGICA-D-22-00031

Rolls, R.J., Wolfenden, B., Heino, J., Butler, G.L., Thiem, J.D., 2023. Scale dependency in fish beta diversity–hydrology linkages in lowland rivers. *Journal of Biogeography* 50(10), 1692-1709.DOI: 10.1111/jbi.14672

Schmidt, R. C., Woods, T., Nyingi, W.D., 2022. Drivers of species richness and beta diversity of fishes in an Afrotropical intermittent river system. *Ecology and Evolution* 12(12), e9659. DOI: 10.1002/ece3.9659

Shinde, S.E., Pathan, T.S., Raut, K.S., Bhandare, R.Y., Sonawane, D.I., 2009. Fish Biodiversity of Pravara River at Pravara Sangam District Ahmednagar, (MS) India. *World Journal of Zoology* 4(3), 176-179.

Soininen, J., Heino, J., Wang, J., 2018. A meta-analysis of nestedness and turnover components of beta diversity across organisms and ecosystems. *Global Ecology and Biogeography* 27(1), 96-109. DOI: 10.1111/geb.12660

Soininen, J., Köngäs, P., 2012. Analysis of nestedness in freshwater assemblages—patterns across species and trophic levels. *Freshwater Science* 31(4), 1145-1155.

Soudi, M., Ahmadi, H., Yasi, M., Sebilla, S., Ahmad Hamidi, S., 2019. Regulation of the Rule Curve of Dams Based on Conception of Environmental Flow (Case Study: Elected Inflow Rivers to Lake Urmia). *Iran-Water Resources Research* 15(2), 329-341.

Su, G., Logez, M., Xu, J., Tao, S., Villéger, S., Brosse, S., 2021. Human impacts on global freshwater fish biodiversity. *Science* 371(6531), 835-838. DOI: 10.1126/science. abd3369

Swingland, I.R., 2001. Biodiversity, definition of. Encyclopedia of biodiversity, 1, pp.377-391.

Tisseuil, C., Leprieur, F., Grenouillet, G., Vrac, M., Lek, S., 2012. Projected impacts of climate change on spatio-temporal patterns of freshwater fish beta diversity: a deconstructing approach. *Global Ecology and Biogeography* 21(12), 1213-1222. DOI: 10.1111/j.1466-8238.2012.00773. x

Villéger, S., Miranda, J.R., Hernandez, D.F. and Mouillot, D., 2012. Low functional β-diversity despite high taxonomic β-diversity among tropical estuarine fish communities. *PloS one* 7(7), e40679. DOI: 10.1371/journal.pone.0040679

Walsh, G., Pease, A.A., Woodford, D.J., Stiassny, M.L., Gaugris, J.Y. and South, J., 2022. Functional diversity of Afrotropical fish communities across river gradients in the Republic of Congo, west central Africa. *Frontiers in Environmental Science* 10, 981960. DOI: 10.3389/fenvs.2022.981960

Wang, L., Han, B.P., 2023. Non-random species loss under human disturbance increases the nestedness component of macroinvertebrate beta diversity in tropical streams. *Ecological Indicators* 154, 110918. DOI: 10.1016/j.ecolind.2023.110918

Yamani, M., Abbasi, M., 2020. Evaluation of Flooding below Gadar Catchments based on Morphometric Parameters and Statistical Correlation. *Town and Country Planning* 12(1), 205-224. DOI: 10.22059/JTCP.2020.293947.670048

Yasi, M., 2017. Management of Rivers and Dams in Supplying and Delivering Water to Urmia Lake. *Strategic Research Journal of Agricultural Sciences and Natural Resources* 2(1), 59-76. DOI: 10.22047/SRJASNR.2017.110559

Zbinden, Z.D., Matthews, W.J., 2017. Beta diversity of stream fish assemblages: partitioning variation between spatial and environmental factors. *Freshwater Biology* 62(8), 1460-1471. DOI: 10.1111/fwb.12960

Zeni, J.O., Hoeinghaus, D.J., Roa-Fuentes, C.A., Casatti, L., 2020. Stochastic species loss and dispersal limitation drive patterns of spatial and temporal beta diversity of fish assemblages in tropical agroecosystem streams. *Hydrobiologia* 847, 3829-3843.