



## شناسایی ملکولی زوانتیدهای آبهای کم ژرفا در سواحل بوشهر - خلیج فارس

ماشاله درویشی (MSc)<sup>۱</sup>، مریم مرادی نسب (MSc)<sup>۲\*</sup>، سیدجواد حسینی (PhD)<sup>۳</sup>،

رضا محمدنیا (DVM)<sup>۴</sup>، زهرا امینی خوئی (PhD)<sup>۵</sup>، سیما نصری (PhD)<sup>۱</sup>، ایرج نبی پور (MD)<sup>۶</sup>

<sup>۱</sup> گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه پیام نور تهران، تهران، ایران

<sup>۲</sup> مرکز تحقیقات طب گرمسیری و عفونی خلیج فارس، پژوهشکده علوم زیست پزشکی خلیج فارس، دانشگاه علوم پزشکی بوشهر، بوشهر، ایران

<sup>۳</sup> گروه زیست شناسی سلولی و ملکولی، دانشکده علوم، دانشگاه خلیج فارس، بوشهر، ایران

<sup>۴</sup> اداره کل دامپزشکی استان بوشهر، بوشهر، ایران

<sup>۵</sup> مرکز تحقیقات آبهای دور چابهار، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، چابهار، ایران

<sup>۶</sup> مرکز تحقیقات زیست فناوری دریایی خلیج فارس، پژوهشکده علوم زیست پزشکی خلیج فارس، دانشگاه علوم پزشکی بوشهر، بوشهر، ایران

(دریافت مقاله: ۹۶/۹/۶ - پذیرش مقاله: ۹۶/۱۱/۲۳)

### چکیده

**زمینه:** راسته‌ی زوانتاریا (Cnidaria: Anthozoa) یکی از راسته‌های کمتر بررسی شده در خلیج فارس است. این گروه از سنیداریاها غالباً در آب‌های گرم مناطق متفاوت جهان یافت می‌شوند و شناسایی مورفولوژیک آنها به دلیل تنوع رنگی گسترده، در سطح گونه بسیار پیچیده است. بدین منظور در این مطالعه برای نخستین بار تنوع زوانتیدهای آب‌های کم ژرفا خلیج فارس - سواحل بوشهر به روش فیلوژنتیک ملکولی مورد بررسی قرار گرفت.

**مواد و روش‌ها:** بیست و چهار کلونی زوانتید با شکل و رنگ‌های متفاوت از نواحی جزر و مدی و کم عمق سواحل بوشهر جمع‌آوری شدند. پس از استخراج DNA به روش CTAB- فنل - کلروفرم، قطعه ژنی مارکرهای میتوکندریایی COI و 16S rDNA و مارکر هسته‌ای ITS-rDNA با استفاده از تکنیک واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) تکثیر و توالی‌یابی شد.

**یافته‌ها:** براساس توالی‌های بدست آمده، وجود چهار گونه *Zoanthus sociatus*، *Zoanthus pulchellus*، *Zoanthus sansibaricus* و *Palythoa aff. mutuki* در ساحل بوشهر اثبات شد. گونه *Palythoa aff. mutuki* مشاهده شده در این مطالعه دارای توالی یکسان با گونه پیشتر گزارش شده در خلیج فارس می‌باشد. با این وجود در این مطالعه دو گونه جدید توصیف نشده از جنس *Zoanthus* (*Z. pulchellus* و *Z. sociatus*) شناسایی شدند.

**نتیجه‌گیری:** نتایج مطالعه حاضر حاکی از کارایی کاربرد مارکرهای ملکولی در مقایسه با ویژگی‌های مورفولوژیک جهت شناسایی راسته زوانتاریا به‌ویژه در سطح گونه می‌باشد. بی‌شک مطالعات هر چه بیشتر به منظور تعیین الگوی پراکنش زوانتیدها دانش ما را در رابطه با تنوع زیستی خلیج فارس افزایش خواهد داد.

**واژگان کلیدی:** زوانتاریا، COI، ITS-rDNA، 16S rDNA، خلیج فارس

\* بوشهر، مرکز تحقیقات طب گرمسیری و عفونی خلیج فارس، پژوهشکده علوم زیست پزشکی خلیج فارس، دانشگاه علوم پزشکی بوشهر، بوشهر، ایران

© بخشی از این پروژه، با حمایت‌های کرسی پژوهشی دریایی، (مصوب صندوق حمایت از پژوهشگران و فناوران کشور) معاونت علمی و فناوری ریاست جمهوری به انجام رسید.

Email: m.moradinasab85@gmail.com

ORCID: 0000-0002-1330-835X

## مقدمه

زوانتاریا (Cnidaria: Anthozoa) یکی از اصلی ترین اجزاء اعماق دریا در صخره‌های مرجانی هستند که با وجود پراکنش وسیع در اغلب محیط‌های دریایی به درستی مطالعه نشده‌اند (۱). اغلب گونه‌های این راسته به صورت کلنی دیده می‌شوند و از این حیث به مرجان‌های سخت شبیه‌اند لیکن فقدان اسکلت آهکی، ویژگی مشترک این گروه جانوری با شقایق‌های دریایی است (۲). جنس‌های *Palythoa* (خانواده Sphenopidae) و *Zoanthus* (خانواده Zoanthidae) را می‌توان شناخته شده‌ترین جنس‌های این راسته قلمداد نمود که در آب‌های سطحی نواحی گرمسیری و نیمه گرمسیری زندگی می‌کنند (۳ و ۴). این ارگانسیم‌ها منبع ترکیبات بیواکتیو مهمی همچون پروتئین فلورسنت سبز (GFP) یا آلکالوئیدهایی با خاصیت ضد پوکی استخوان مانند نورزوانتامین هستند که طی سال‌های اخیر تحقیقات گسترده‌ای پیرامون این ترکیبات بیوشیمیایی صورت گرفته است (۵).

تاکسونومی راسته زوانتاریا به سبب انعطاف‌پذیری مورفولوژیک گونه‌ها و فقدان معیارهای صحیح شناسایی همواره نابسامان بوده است (۶). رده‌بندی برای سالیان متمادی بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی از جمله رنگ و ابعاد پلیپ، رنگ صفحه دهانی، تعداد تتاکل‌ها و نوع پلیپ صورت گرفته است (۱). اما با روی کار آمدن علم ژنتیک ملکولی و بررسی‌های مجدد مشخص شد که رنگ و سایر ویژگی‌های ریختی به تنهایی معیار صحیحی برای تفکیک گونه‌ها نمی‌باشند (۷ و ۸).

ریمر (Reimer) و همکاران، طی اولین بررسی ملکولی جنس *Zoanthus* با استفاده از روش PCR-Sequencing، چهار گونه از این جنس را که در

گذشته به جهت تفاوت‌های مورفولوژیکی در رنگ از یکدیگر تفکیک شده بودند را به عنوان وارپته‌های رنگی *Zoanthus sansibaricus* معرفی کردند (۹). پس از آن مطالعات ژنتیکی گسترده‌تری با هدف شناسایی گونه‌ای جنس *Zoanthus* انجام شد که همگی حاکی از تنوع رنگی بالای گونه *Zoanthus sansibaricus* بود (۸، ۱۰ و ۱۱).

به منظور رفع مشکلات تاکسونومی راسته زوانتاریا، در طی دو دهه گذشته مطالعات ملکولی بر پایه تکنیک‌های واکنش زنجیره‌ای پلیمرز ۱ و تعیین توالی ۲ و با استفاده از مارکرهای DNA میتوکندریایی (COI) و (16SrDNA) و DNA هسته‌ای (ITS-rDNA) مورد استفاده قرار گرفته‌اند (۸، ۱۰، ۱۲ و ۱۳). پراکنش گسترده آبنسنگ‌های مرجانی، آب و هوای گرمسیری و عمق کم، خلیج فارس را بستری مناسب برای این راسته تبدیل کرده است لیکن در این زمینه اطلاعات محدودی از زوانتاریاهای موجود در خلیج فارس در دسترس است. در مطالعه‌ای که توسط نوری کویایی و همکاران در جزیره قشم انجام شده سه گونه *Zoanthus sansibaricus*، *Palythoa cf. mutuki* و *Palythoa tuberculosa* گزارش شدند (۱۴).

در مطالعه دیگر مربوط به جزایر هنگام، لارک و تنگه هرمز نیز پنج گونه *P. tuberculosa*، *P. mutuki* و *Z. sansibaricus* *Palythoa aff. mutuki* و *Neozoanthus sp.* شناسایی شدند (۱۵).

در مطالعه حاضر در نظر داریم برای نخستین بار گسترش زوانتاریاهای آب‌های سطحی را در سواحل خلیج فارس - بوشهر با استفاده از روش‌های فیلوژنتیک ملکولی و مارکرهای mtCOI، mt16SrDNA و ITS-rDNA بررسی کنیم.

## مواد و روش‌ها

## جمع‌آوری نمونه

بیست و چهار کلونی زوانتید از دو منطقه ساحل بوشهر، با روش غواصی از عمق ۳-۱/۵ متری و نواحی جزر و مدی در فاصله اردیبهشت ۹۳ تا خرداد ۹۴ جمع‌آوری گردید (جدول ۱، شکل ۱). شناسایی اولیه با استفاده از ویژگی‌های ظاهری مانند رنگ دیسک دهانی، شکل پلیپ و غیره. انجام گرفت. از تمامی نمونه‌ها بصورت درجا<sup>۱</sup> عکس‌برداری شد و سپس به منظور آنالیزهای ملکولی در الکل ۹۹ درصد و در دمای  $20^{\circ}\text{C}$  - نگهداری شدند.

## استخراج DNA

DNA ژنومی نمونه‌های نگهداری شده در اتانول با استفاده از روش CTAB-Phenol/Chloroform به (۱۶) شرح زیر استخراج شد: یک قطعه حدوداً  $5\text{cm}^3$  از نمونه جدا شده و با سانتریفیوژ در دور ۱۲۰۰۰ خشک شد. ۶۰۰ میکرولیتر بافر CTAB، ۲۰۰ میکروگرم پروتئیناز k و ۶۰ میکرولیتر محلول NaCl ۵ مولار به نمونه اضافه و به مدت ۱۶ ساعت در دمای  $42^{\circ}\text{C}$  درجه انکوبه گردید. در مرحله بعد خالص سازی DNA بوسیله فنول-کلروفرم-ایزوامیل الکل با نسبت ۱:۲۴:۲۵ و طی مراحل مختلف شستشو انجام گرفت. رسوب دهی نمونه DNA با استفاده از مقادیر هم حجم ایزوپروپانول و  $1/10$  حجم محلول سدیم استات ۳ مولار در دمای  $20^{\circ}\text{C}$  - درجه انجام شد. رسوب بدست آمده با استفاده از اتانول ۷۵ درصد شستشو داده شد و در آب دوبار تقطیر حل گردید. کیفیت و کمیت DNA استخراج شده به این روش بوسیله الکتروفورز ژل آگارز و اسپکتروفتومتر نانو دراپ اندازه‌گیری شد.

## واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) و تعیین توالی

## DNA

واکنش PCR با استفاده از DNA ژنومی برای قطعات ژنی زیر واحد ۱ ژن سیتوکروم اکسیداز C میتوکندریایی (COI)، DNA ریپوزومی ناحیه 16S میتوکندریایی (16S rDNA) و ITS-rDNA با استفاده از آنزیم Taq DNA polymerase (Mannheim, Germany) و طبق دستورالعمل شرکت سازنده انجام شد. یک قطعه حدوداً ۶۳۰ جفت بازی از ژن COI mt با استفاده از پرایمرهای (۱۷)

و طی چرخه دمایی  
زیر تکثیر شد:

|         |   |
|---------|---|
| IGO1490 | 5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG<br>ATA TTG G-3'  |
| HFO2198 | 5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA<br>AAA AAT CA-3' |

دنا تورا سیون اولیه به مدت ۵ دقیقه در دمای  $94^{\circ}\text{C}$  درجه و به دنبال آن ۳۵ سیکل شامل ۱ دقیقه دنا تورا سیون در  $94^{\circ}\text{C}$  درجه، ۱ دقیقه اتصال در  $52^{\circ}\text{C}$  درجه و ۱ دقیقه گسترش در  $72^{\circ}\text{C}$  درجه و گسترش نهایی در دمای  $72^{\circ}\text{C}$  درجه به مدت ۷ دقیقه انجام شد. به همین ترتیب یک قطعه حدوداً ۹۰۰ جفت بازی از ژن 16S rDNA با استفاده از پرایمرهای اختصاصی (۱۸).

طی واکنش PCR با  
شرایط زیر تکثیر شد:

|          |                        |
|----------|------------------------|
| 16Sant1a | 5'CGAACAGCCAACCCTTGG3' |
| 16SbmoH  | 5'CGAACAGCCAACCCTTGG3' |

پس از دنا تورا سیون اولیه، ۳۵ سیکل شامل ۱ دقیقه دنا تورا سیون در  $94^{\circ}\text{C}$  درجه، ۱ دقیقه اتصال در  $58^{\circ}\text{C}$  درجه و ۱ دقیقه گسترش در  $72^{\circ}\text{C}$  درجه تکرار شد و گسترش نهایی در دمای  $72^{\circ}\text{C}$  درجه و به مدت ۷ دقیقه انجام شد. قطعه ژنی ITS-rDNA نیز با چرخه دمایی مشابه و دمای اتصال  $59^{\circ}\text{C}$  درجه و پرایمرهای اختصاصی تکثیر شد (۱۹).

پرایمر رفت و برگشت استفاده شد. تعیین توالی نمونه‌های مورد مطالعه به روش خاتمه زنجیره و توسط دستگاه ABI3730XL در شرکت ماکروژن کره جنوبی انجام شد.

محصولات PCR بدست آمده برای هر سه مارکر با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد بررسی شده (شکل ۱) و پس از تأیید کیفیت اولیه به منظور تعیین توالی ناحیه تکثیر شده برای COI از پرایمر رفت و در مورد مارکرهای 16S rDNA و ITS rDNA از هر دو



شکل ۱) محصول PCR مارکر mt 16S rDNA بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد، ستون ۱: نشانگر 100bp ستون ۲: نمونه BPG12 ستون ۳: BPG22 ستون ۴: BPG308 ستون ۵: BPG320 ستون ۶: کنترل منفی

### آنالیز فیلوژنتیک

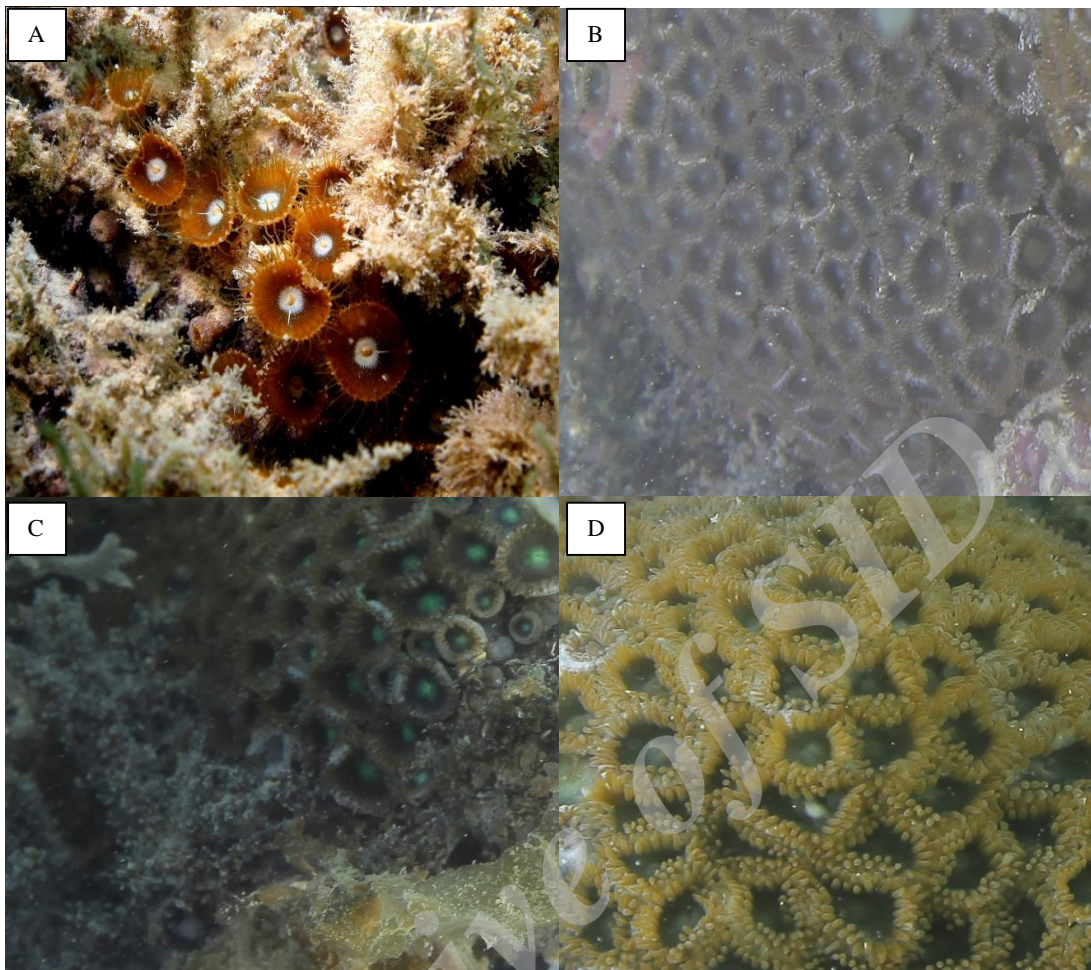
توالی‌های به دست آمده در این مطالعه در پایگاه داده DDBJ ثبت و شماره‌های دسترسی در جدول ۱ نشان داده شده است. توالی‌های نوکلئوتیدی بدست آمده برای هر سه مارکر با استفاده از نرم افزار CLUSTAL W (۲۰) با سایر توالی‌های موجود در بانک ژن به عنوان توالی مرجع هم‌ردیف سازی شدند (شماره‌های دسترسی توالی‌های مرجع در شکل‌های ۳-۵ نشان داده شده است). هم‌ردیفی‌ها به صورت چشمی بازمینی و در صورت نیاز به صورت دستی ویرایش شدند. به این ترتیب سه هم‌ردیفی به صورت زیر حاصل شد: (۱) ۶۱۲ جایگاه برای ۱۸ توالی (COI)، (۲) ۹۰۰ جایگاه برای ۲۲ توالی (16S rDNA) و (۳) ۸۵۷ جایگاه برای ۱۲ توالی (ITS)

rDNA). آنالیز فیلوژنتیک برای توالی‌های هم‌ردیف شده با استفاده از روش‌های Maximum (ML) Likelihood و Neighbor-Joining (NJ) انجام شد. پیش از انجام آنالیز ML با استفاده از برنامه MrModeltest (۲۱) و بر اساس معیار اطلاعاتی AIC (Akaike Information Criterion) مدل‌های مناسب برای داده‌های مورد نظر انتخاب شدند. طبق این آزمون، مدل K2+G (۲۲) discrete gamma (Kimura 2-parameter+distribution) بهترین داده را برای مارکر 16SrDNA و مدل‌های K2 و T92+I (۲۳) (Tamura 3-parameter+invariable sites) به ترتیب برای مارکرهای COI و ITS-rDNA ارائه می‌کنند. هر دو آنالیز ML و NJ با استفاده از نرم‌افزار MEGA 6 (۲۴) و تکرار بوت استرپ ۱۰۰۰ انجام شد.

جدول (۱) نمونه‌های مورد مطالعه، تاریخ، عمق، محل جمع‌آوری، شناسایی اولیه، شماره‌های دسترسی و شناسایی ملکولی

| نام نمونه | تاریخ جمع‌آوری | عمق جمع‌آوری (m) | شناسایی مورفولوژیک اولیه | شماره دسترسی COI | شماره دسترسی mt 16S rDNA | شماره دسترسی ITS-rDNA | شناسایی ملکولی  |
|-----------|----------------|------------------|--------------------------|------------------|--------------------------|-----------------------|-----------------|
| BPG۱۱     | ۹۳/۲           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۷۱         | LC۱۶۴۱۸۶                 | NA                    | Z. sansibaricus |
| BPG۱۲     | ۹۳/۲           | ۳                | P. mutuki                | LC۱۶۴۳۷۲         | LC۱۶۴۱۸۵                 | LC۱۶۴۶۹۶              | P. aff. mutuki  |
| BPG۲۱     | ۹۴/۳           | ۱/۵              | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۵۵         | LC۱۶۴۱۶۵                 | NA                    | Z. pulchellus   |
| BPG۲۲     | ۹۴/۳           | ۱/۵              | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۵۷         | LC۱۶۴۱۶۷                 | LC۱۶۴۶۸۸              | Z. sociatus     |
| BPG۲۳     | ۹۴/۳           | ۱/۵              | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۵۹         | LC۱۶۴۱۶۸                 | LC۱۶۴۶۸۶              | Z. pulchellus   |
| BPG۲۴     | ۹۴/۳           | ۱/۵              | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۱         | LC۱۶۴۱۷۰                 | NA                    | Z. pulchellus   |
| BPG۲۵     | ۹۴/۳           | ۱/۵              | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۲         | LC۱۶۴۱۷۲                 | NA                    | Z. pulchellus   |
| BPG۳۰۱    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۵۶         | LC۱۶۴۱۶۶                 | NA                    | Z. sansibaricus |
| BPG۳۰۲    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۵۸         | NA                       | LC۱۶۴۶۸۵              | Z. sansibaricus |
| BPG۳۰۳    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | NA               | LC۱۶۴۱۶۹                 | LC۱۶۴۶۸۷              | Z. pulchellus   |
| BPG۳۰۴    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | NA               | LC۱۶۴۱۷۱                 | NA                    | Z. pulchellus   |
| BPG۳۰۵    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | NA               | LC۱۶۴۱۷۳                 | NA                    | Z. pulchellus   |
| BPG۳۰۶    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | NA               | LC۱۶۴۱۷۴                 | LC۱۶۴۶۸۹              | Z. sansibaricus |
| BPG۳۰۷    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | NA               | LC۱۶۴۱۷۵                 | NA                    | Z. sansibaricus |
| BPG۳۰۸    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۳         | LC۱۶۴۱۷۶                 | LC۱۶۴۶۹۰              | Z. sociatus     |
| BPG۳۰۹    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۴         | LC۱۶۴۱۷۷                 | NA                    | Z. pulchellus   |
| BPG۳۱۱    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۵         | LC۱۶۴۱۷۸                 | NA                    | Z. sociatus     |
| BPG۳۱۳    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | NA               | NA                       | NA                    |                 |
| BPG۳۱۴    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۶         | LC۱۶۴۱۷۹                 | LC۱۶۴۶۹۲              | Z. sociatus     |
| BPG۳۱۵    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۷         | LC۱۶۴۱۸۰                 | NA                    | Z. sansibaricus |
| BPG۳۱۷    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۸         | LC۱۶۴۱۸۱                 | LC۱۶۴۶۹۳              | Z. sansibaricus |
| BPG۳۱۸    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۹         | LC۱۶۴۱۸۲                 | LC۱۶۴۶۹۴              | Z. pulchellus   |
| BPG۳۱۹    | ۹۴/۳           | ۳                | Z. sansibaricus          | NA               | LC۱۶۴۱۸۳                 | LC۱۶۴۶۹۱              | Z. sansibaricus |
| BPG۳۲۰    | ۹۴/۳           | ۱/۵              | Z. sansibaricus          | LC۱۶۴۳۶۹         | LC۱۶۴۱۸۴                 | LC۱۶۴۶۹۵              | Z. sansibaricus |





شکل ۲) تصاویر درجا از نمونه‌های جمع‌آوری شده:

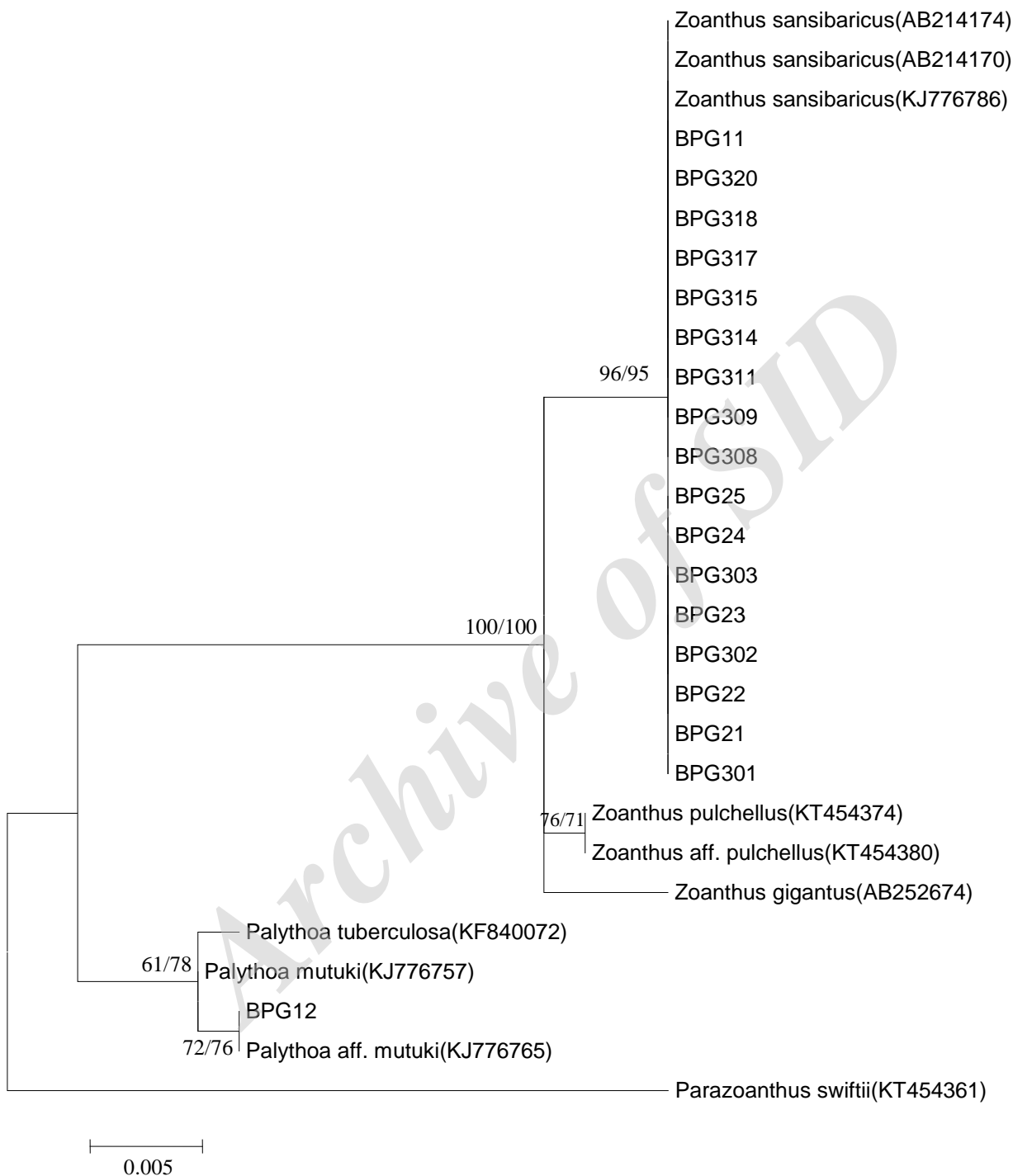
(A) *Palythoa aff. mutuki* (B) *Zoanthus sociatus* (C) *Zoanthus sansibaricus* (D) *Zoanthus pulchellus*

## یافته‌ها

### فیلوژنی COI

همان‌طور که در شکل ۳ نشان داده شده، درخت فیلوژنتیک برای مارکر میتوکندریایی COI از دو کلاد اصلی مربوط به جنس‌های *Zoanthus* و *Palythoa* تشکیل شده‌است. هر یک از این جنس‌ها یک کلادها با مقادیر بالای ارزش بوت استراپ را در آنالیزهای فیلوژنتیک نشان می‌دهند (به ترتیب ۷۸ درصد، ۱۰۰ درصد= NJ، ۶۱ و ۱۰۰ درصد= ML). در کلاد *Zoanthus*، تمامی نمونه‌ها دارای توالی مشابه بوده و با گونه‌های *Zoanthus sansibaricus* از ژاپن

(AB214174, AB214170) و همچنین جزیره لارک- ایران (KJ776786) یک کلاد کاملاً حمایت شده با ارزش بوت استراپ بسیار بالا تشکیل می‌دهند (۹۵ درصد= NJ، ۹۶ درصد= ML). نمونه BPG12 نیز در یک کلاد حمایت شده مشترک با گونه *Palythoa aff. mutuki* از جزیره هنگام- ایران (KJ776765) قرار می‌گیرد (۷۶ درصد= NJ، ۷۵ درصد= ML). توالی‌های مربوط به این دو گونه کاملاً مشابه بوده و با توالی (KJ776757) *Palythoa mutuki* تنها یک جفت باز تفاوت دارند.



شکل ۳) درخت Maximum likelihood بر اساس قطعه ژنی میتوکندریایی COI شامل توالی‌های جدید حاصل از مطالعه حاضر و توالی‌های پیشین ثبت شده در بانک ژن. ارزش‌های بوت استرپ به ترتیب برای ML و NJ روی گره‌ها نشان داده شده است.

### فیلوژنی 16S rDNA

درخت فیلوژنتیک برای توالی‌های هم‌ردیف شده 16S rDNA در شکل ۴ نشان داده شده است. توالی‌های قطعه ژنی 16S rDNA برای نمونه‌های مورد مطالعه در دو کلاد بزرگ مربوط به جنس‌های *Zoanthus* و *Palythoa* قرار می‌گیرند. جنس *Zoanthus* به عنوان یک کلاد کاملاً حمایت شده با ارزش بوت استراب بسیار بالا (۹۹ درصد= NJ، ۹۸ درصد= ML) خود شامل سه زیر کلاد<sup>۱</sup> گونه‌ای می‌باشد. توالی‌های مربوط به نمونه‌های BPG320، BPG319، BPG317، BPG315، BPG307، BPG306، BPG301 و BPG11 و مشابه توالی‌های *Zoanthus sansibaricus* گزارش شده از ژاپن (AB219188) و جنوب افریقا (KM032525) می‌باشد (۵۵ درصد= NJ، ۵۵ درصد= ML). نمونه‌های BPG311، BPG308، BPG22 و BPG314 نیز در یک زیرکلاد حمایت شده با *Zoanthus sociatus* (EU348612، EU348613، EU348615) قرار می‌گیرند (۶۳ درصد= NJ، ۶۴ درصد= ML). نمونه‌های باقی مانده نیز دارای توالی یکسان بوده و در کلاد حمایت شده *Zoanthus pulchellus* با ارزش بوت استراب بالا و در پایه کلاد - *Zoanthus sansibaricus* قرار می‌گیرند (۸۱ درصد= NJ، ۷۱ درصد= ML). از سوی دیگر در کلاد *Palythoa*، توالی مربوط به نمونه BPG12 کاملاً مشابه نمونه *Palythoa aff. mutuki* از جزیره هنگام- ایران (KJ783908) بوده (۵۸ درصد= NJ، ۷۲ درصد= ML)

و با توالی *Palythoa mutuki* گزارش شده در هند (KP176681) و جزیره لارک- ایران (KJ783931) به ترتیب سه و چهار جفت باز تفاوت دارد.

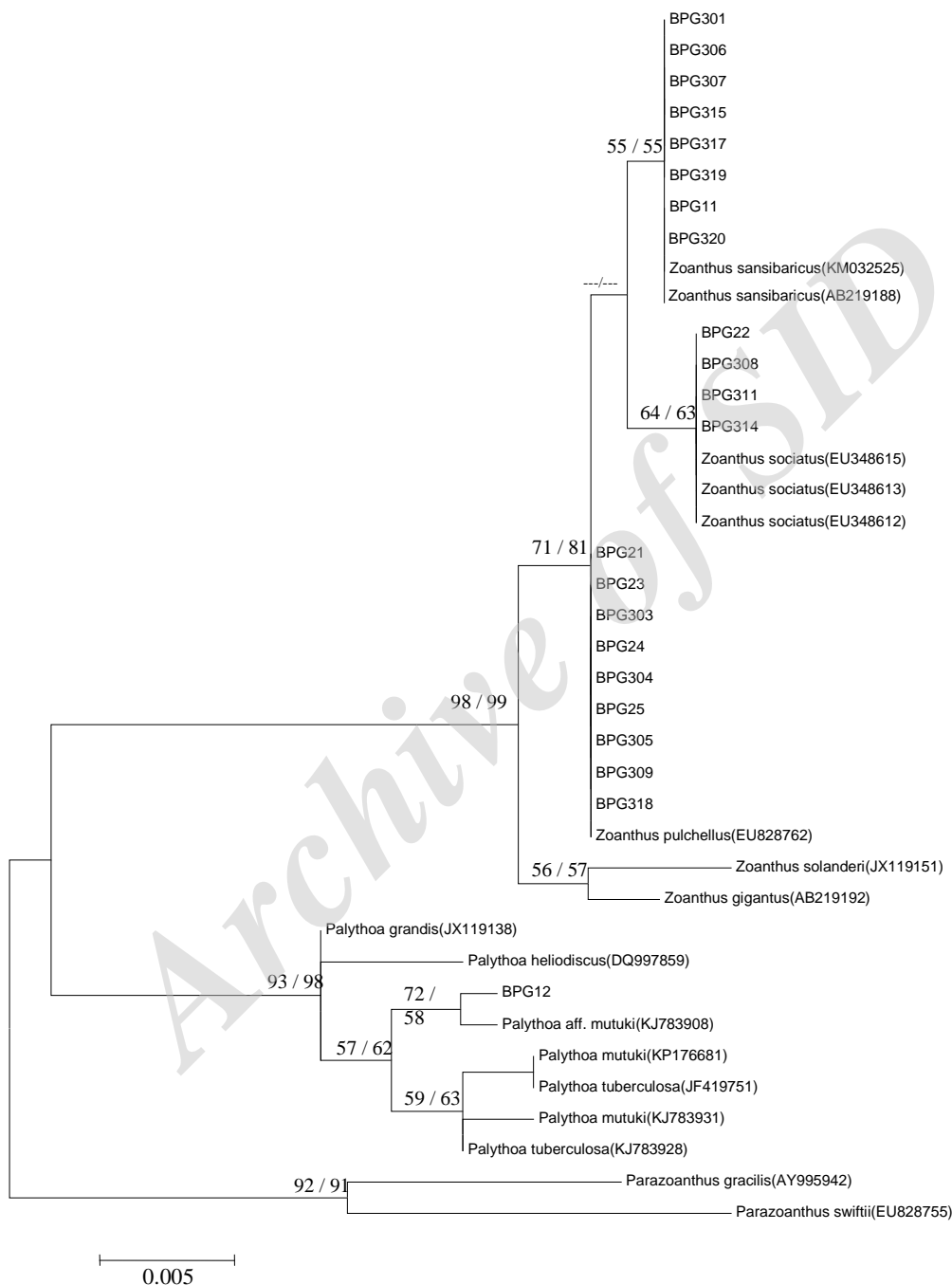
### فیلوژنی ITS rDNA

توالی‌های قابل قبول ITS rDNA تنها برای تعداد کمی از نمونه‌های مورد مطالعه به دست آمد و وجود سیگنال‌های متعدد در نتایج تعیین توالی تعدادی از نمونه‌ها مانع از ورود آنها به آنالیز شد. همانطور که در شکل ۵ مشاهده می‌شود درخت فیلوژنتیک رسم شده برای توالی‌های هم‌ردیف شده ITS rDNA دارای توپولوژی مشابه با درخت mt16S rDNA و با قدرت تفکیک بیشتر در سطح گونه می‌باشد. درخت رسم شده دارای دو کلاد کاملاً حمایت شده با ارزش بوت استراب بسیار بالا برای جنس‌های (۱۰۰ درصد= NJ، ۱۰۰ درصد= ML) *Zoanthus* و (۷۲ درصد= NJ، ۹۲ درصد= ML) *Palythoa* می‌باشد. در کلاد *Zoanthus* نمونه‌های BPG319، BPG317، BPG306، BPG302 و BPG320 دارای تفاوت توالی اندکی بوده و در یک کلاد حمایت شده با *Zoanthus sansibaricus* (AB214155) قرار می‌گیرند (۹۶ درصد= NJ، ۷۱ درصد= ML). نمونه‌های باقی مانده جنس *Zoanthus* نیز در یک کلاد با ارزش بوت استراب بالا (۸۱ درصد= NJ، ۸۱ درصد= ML) دارای دو زیر کلاد قرار می‌گیرند. توالی نمونه‌ها در هر یک از زیر کلادها دارای چند جفت باز تفاوت با توالی‌های *Z. pulchellus* (EU418346) و (XJ119133)، *Z. sociatus* (XJ119131) می‌باشند اما به دلیل شباهت توپولوژی با درخت mt16S rDNA به ترتیب به عنوان *Zoanthus pulchellus* و *Zoanthus sociatus* در

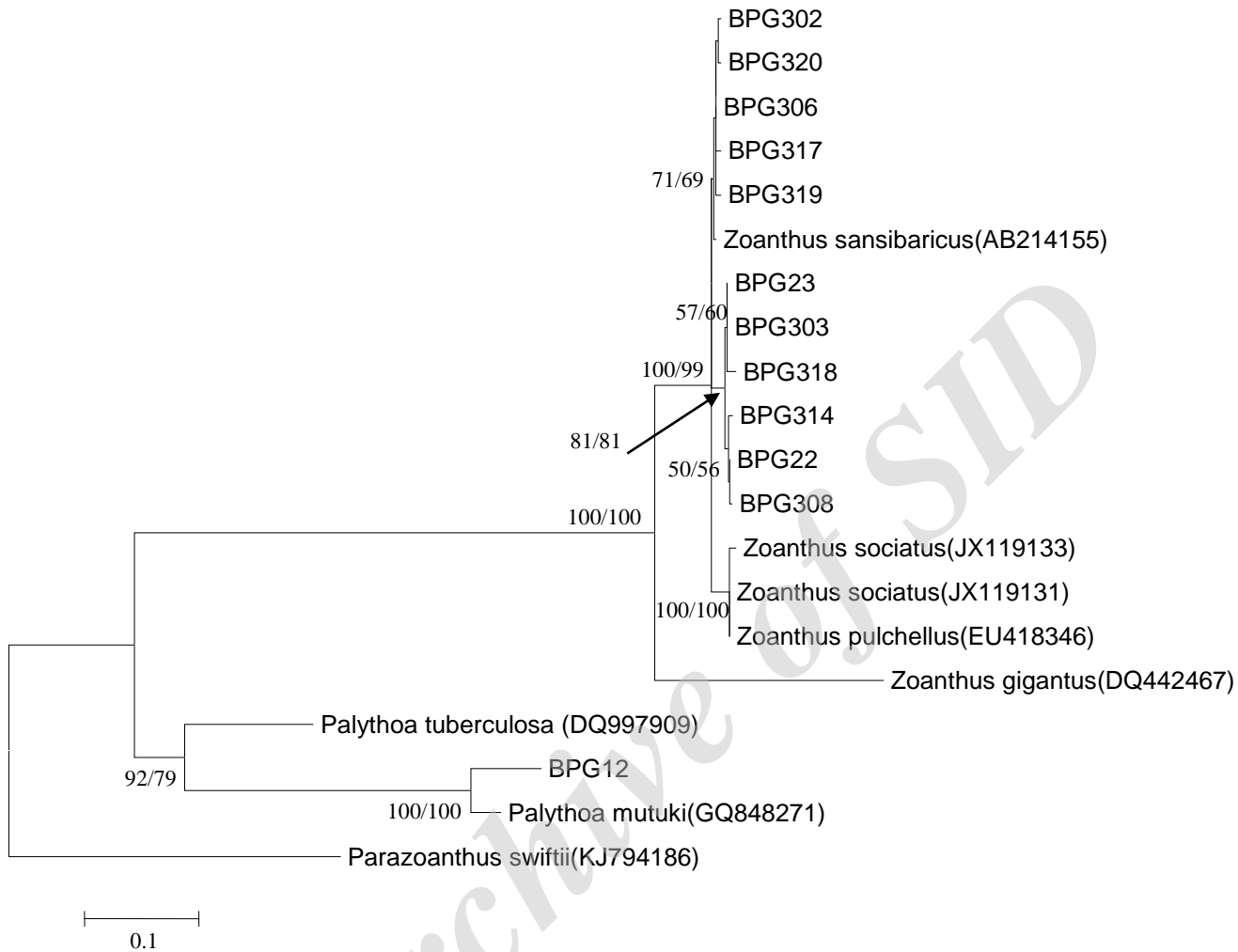


با درصد=ML) ۱۰۰ NJ=درصد قرار می‌گیرد.

نظر گرفته می‌شوند. در کلاد مربوط به *Palythoa* نیز نمونه BPG12 با وجود بیش از ۱۰۰ جفت باز تفاوت توالی در یک کلاد مشترک کاملاً حمایت شده (۱۰۰)



شکل ۴) درخت Maximum likelihood بر اساس قطعه ژنی میتوکندریایی 16S rDNA شامل توالی‌های جدید حاصل از مطالعه حاضر و توالی‌های پیشین ثبت شده در بانک ژن. ارزش‌های بوت استرپ به ترتیب برای ML و NJ روی گره‌ها نشان داده شده‌است.



شکل ۵: درخت Maximum likelihood بر اساس قطعه ژنی ITS rDNA شامل توالی‌های جدید حاصل از مطالعه حاضر و توالی‌های پیشین ثبت شده در بانک ژن. ارزش‌های بوت استراب به ترتیب برای ML و NJ روی گره‌ها نشان داده شده‌است.

### بحث

خلیج فارس- بوشهر پرداختیم که منجر به شناسایی چهار گونه *Zoanthus sansibaricus*، *Zoanthus sociatus* و *Zoanthus pulchellus* از خانواده Zoanthidae و *Palythoa aff. mutuki* از خانواده Sphenopidae شد.

زوانتیدها در اکثر اکوسیستم‌های دریائی یافت می‌شوند با این وجود تاکسونومی آنها هنوز چندان سازمان یافته نیست. در حالی که بیشتر خانواده‌ها و جنس‌ها به خوبی

شناسایی دقیق گونه‌های مختلف راسته زوانتاریا بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیک دارای پیچیدگی‌های بسیار است به گونه‌ای که تنوع رنگی درون گونه‌ای شناسایی ریختی آنها را تا حدی ناممکن ساخته‌است. طی مطالعه حاضر با استفاده از روش‌های فیلوژنیک ملکولی و مارکرهای mt COI، mt 16S rDNA و ITS rDNA و به بررسی پراکنش این راسته در سواحل

توصیف شده‌اند اما تنوع گونه‌ای همچنان ناشناخته مانده است (۶). تنوع گسترده و ویژگی‌های مورفولوژیک در درون هر گونه و فقدان معیارهای صحیح جهت تفکیک گونه‌ها از یکدیگر همواره عامل اصلی این نابسامانی بوده است. شناسایی مورفولوژیک زوانتیدها همواره به واسطه داشتن ساختار ریختی بسیار ساده و رنگ‌های متنوع چالش برانگیز بوده است (۲۵ و ۲۶). در این مطالعه ضمن شناسایی اولیه بر اساس معیارهای مورفولوژیک تمامی نمونه‌های جنس *Zoanthus* به عنوان *Zoanthus sansibaricus* و *Palythoa aff. mutuki* به عنوان *Palythoa mutuki* طبقه‌بندی شدند. همانطور که اشاره شد معیارهای مورفولوژیک غالباً برای شناسایی در سطح گونه کافی نیستند با این حال مارکرهای ملکولی DNA هسته‌ای و میتوکندریایی با موفقیت برای غلبه بر این مشکل استفاده شده‌اند و قادر به شناسایی فیلوژنتیکی گونه‌های مرتبط و بسیار نزدیک به هم هستند (۱۰، ۱۳ و ۲۷).

به دلیل سرعت پایین جهش‌های میتوکندریایی در آنتوزوا، مارکرهای میتوکندریایی (COI و 16SrDNA) بسیار حفاظت شده هستند و یک تنوع کوچک (یک یا دو جفت باز در ترکیب توالی mt16SrDNA + COI) می‌تواند بیانگر تفاوت در سطح گونه باشد (۷ و ۲۸) با این حال توالی‌های 16SrDNA به علت دخول و حذف (idels) دارای تغییرپذیری بیشتری نسبت به COI در زوانتیدها هستند که اطلاعات رده‌بندی بیشتری را در مواردی که توالی‌های COI برای جداسازی گونه‌ها از یکدیگر کافی نیستند فراهم می‌کند (۱۳) با این حال برای گونه‌های نزدیک مرتبط با یکدیگر به خاطر انشعاب‌های اخیر به نظر می‌رسد که استفاده از مارکرهای میتوکندریایی به تنهایی برای اغلب زوانتیدها کافی نیست هرچند در ترکیب با موقعیت جغرافیایی، اکولوژی و

داده‌های مورفولوژیکی می‌توانیم شناسایی دقیق‌تری داشته باشیم (۲۷ و ۲۹) از سوی دیگر، به علت سرعت تکاملی سریع‌تر توالی ITS-rDNA و طبیعت نسبتاً حفاظت نشده آن به نظر می‌رسد تفکیک بیشتری در فیلوژنی داشته باشد (۲۷، ۳۰ و ۳۱) هر چند به دلیل سرعت واگرایی بالا، کپی‌های درون ژنومی چندگانه و پلی‌مورفیسم‌های اجدادی در زوانتیدها، ITS-rDNA به تنهایی به عنوان مارکر فلوژنتیک مناسب قابل استفاده نیست اما در همراهی با 16S rDNA می‌تواند در تحقیقات فلوژنتیک برای زوانتیدها مفید باشد (۳۰). مشابه مطالعات پیشین، نتایج مطالعه حاضر حاکی از آن است که فیلوژنی بر اساس مارکر COI نمونه‌ها را به دو جنس *Zoanthus* و *Palythoa* (گونه *Zoanthus* *Palythoa aff. mutuki*) تقسیم می‌کند اما قادر به تشخیص بین گونه‌ها در جنس *Zoanthus* نمی‌باشد. از سوی دیگر درخت فیلوژنتیک ترسیم شده با استفاده از توالی‌های 16S rDNA میتوکندریایی وجود سه گونه را در کلاد *Zoanthus* نشان می‌دهد: *Z. sansibaricus*، *Z. pulchellus* و *Z. sociatus* درخت فیلوژنتیک ITS-rDNA نیز دارای توپولوژی مشابه 16S rDNA بوده و وضوح نسبتاً بیشتری در فیلوژنی با ارزش بوت استرپ بالاتر را نشان می‌دهد.

کوهپایه‌ای و همکاران در جزیره قشم بر اساس مارکر میتوکندریایی mt16SrDNA سه گونه *Zoanthus sansibaricus*، *Palythoa tuberculosa* و *Palythoa aff. Mutuki* را گزارش کردند (۱۴). در مطالعه دیگر مربوط به این گروه بر اساس مارکرهای میتوکندریایی COI و 16SrDNA در جزایر هنگام، لارک و تنگه هرمز نیز پنج گونه *Z. sansibaricus*، *Palythoa aff. Mutuki*، *P. mutuki* و *P. tuberculosa* و *Neozoanthus sp.* شناسایی شدند (۱).

گونه *Palythoa aff. mutuki* و *Zoanthus pulchellus* را در آب‌های کم عمق ساحل بوشهر اثبات می‌کند. شناسایی اولیه بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیک قادر به شناخت صحیح گونه‌ها نبوده با این حال، نتایج حاکی از کارایی مارکرهای مولکولی DNA، بویژه mt16SrDNA و ITS-rDNA جهت شناسایی در سطح گونه می‌باشد. به هر حال به منظور تعیین الگوی پراکنش گونه‌های زوانتاریا در خلیج فارس نیاز به انجام مطالعات بیشتر در دیگر مناطق ضروری می‌باشد.

#### سپاس و قدردانی

بدین وسیله نویسندگان مراتب سپاس و قدردانی خود را از دکتر آتوسا نوری کوپایی به سبب راهنمایی‌های ارزنده‌شان طی این مطالعه و همچنین آقایان مهدی مرادی و محمدصادق خوشکار جهت جمع‌آوری نمونه‌ها ابراز می‌دارند. این پژوهش با استفاده از بودجه تحقیقاتی دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی بوشهر به انجام رسیده است و همچنین بخشی از این پروژه، با حمایت‌های کرسی پژوهشی دریایی، (مصوب صندوق حمایت از پژوهشگران و فناوران کشور) معاونت علمی و فناوری ریاست جمهوری به انجام رسید.

#### تضاد منافع

هیچ گونه تعارض منافع توسط نویسندگان بیان نشده است.

گونه *Palythoa aff. mutuki* شناسایی شده در این مطالعه دارای توالی یکسان با گونه پیشتر گزارش شده در خلیج فارس توسط نوری و همکاران بوده و تفاوت توالی قابل توجهی با *Palythoa mutuki* و دیگر گونه‌های *Palythoa* دارد. در مطالعه حاضر دو گونه جدید از جنس *Zoanthus* (*Z. pulchellus* و *Z. sociatus*) نیز برای نخستین بار در ساحل بوشهر شناسایی شدند. گونه کمتر گزارش شده *Z. pulchellus* در فلوریدا توسط ریمر و همکاران بر اساس نشانگرهای میتوکندریایی، COI، mt16SrDNA و ITS rDNA (۲۷) و در هند برای نخستین بار در سال ۲۰۱۵ بر اساس ویژگی‌های ریخت شناسی (۳۲) شناسایی شده‌است.

گونه‌های زوانتاریا توزیع گسترده‌ای در نواحی گرمسیری و نیمه‌گرمسیری دنیا دارند (۳۳) بررسی گسترش جهانی نشان می‌دهد گونه *Zoanthus sansibaricus* در اقیانوس آرام غربی و شرقی به عنوان مثال سد بزرگ مرجانی (۱ و ۳۴)، نیوکالدونیا (۳۵)، ژاپن (۶ و ۹)، گالاپاگوس (۱۰)، سنگاپور (۸) و اقیانوس هند و گونه *Zoanthus sociatus* در شمال شرق اقیانوس اطلس (۱۱)، فلوریدا (۲۷)، برزیل (۳۶) یافت می‌شوند.

#### نتیجه‌گیری

مطالعه حاضر وجود چهار گونه *Zoanthus sociatus*، *Zoanthus sansibaricus*

#### References:

1. Burnett W, Benzie J, Beardmore J, et al. Zoanthids (Anthozoa, Hexacorallia) from the Great Barrier Reef and Torres Strait, Australia: systematics, evolution and a key to species. *Coral Reefs* 1997; 16(1): 55-68.
2. Reimer JD, Irei Y, Fujii T. Two new species of Neozoanthus (Cnidaria, Hexacorallia, Zoantharia) from the Pacific. *ZooKeys* 2012; (246): 69-87.
3. Miyashita M, Sasaki M, Hattori I, et al. Total synthesis of norzoanthamine. *Science* 2004; 305(5683): 495-9.
4. Fujii T, Reimer JD. Phylogeny of the highly divergent zoanthid family Microzoanthidae (Anthozoa, Hexacorallia) from the Pacific. *Zool Scr* 2011; 40(4): 418-31.
5. Behenna DC, Stockdill JL, Stoltz BM. The biology and chemistry of the zoanthamine

- alkaloids. *Angew Chem Int Ed Engl* 2008; 47(13): 2365-86.
- 6.Reimer JD, Ono S, Iwama A, et al. Morphological and molecular revision of *Zoanthus* (Anthozoa: Hexacorallia) from southwestern Japan, with descriptions of two new species. *Zoolog Sci* 2006; 23(3): 261-75.
- 7.Shearer T, Van Oppen M, Romano S, et al. Slow mitochondrial DNA sequence evolution in the Anthozoa (Cnidaria). *Mol Ecol* 2002; 11(12): 2475-87.
- 8.Reimer JD, Todd PA. Preliminary molecular examination of zooxanthellate zoanthid (Hexacorallia, Zoantharia) and associated zooxanthellae (*Symbiodinium* spp.) diversity in Singapore. *Raffles Bull Zool* 2009; 22: 103-20.
- 9.Reimer JD, Ono S, Fujiwara Y, et al. Reconsidering *Zoanthus* spp. diversity: molecular evidence of conspecificity within four previously presumed species. *Zoolog Sci* 2004; 21(5): 517-25.
- 10.Reimer J, Sinniger F, Hickman Jr C. Zoanthid diversity (Anthozoa: Hexacorallia) in the Galapagos Islands: a molecular examination. *Coral Reefs* 2008; 27(3): 641-54.
- 11.Reimer JD, Hirose M, Wirtz P. Zoanthids of the Cape Verde Islands and their symbionts: previously unexamined diversity in the Northeastern Atlantic. *Contrib zool* 2010; 79(4): 147-63.
- 12.Reimer JD, Hirose M, Yanagi K, et al. Marine invertebrate diversity in the oceanic Ogasawara Islands: a molecular examination of zoanthids (Anthozoa: Hexacorallia) and their *Symbiodinium* (Dinophyceae). *Syst Biodivers* 2011; 9(2): 133-43.
- 13.Reimer JD, Irei Y, Fujii T, et al. Molecular analyses of shallow-water zooxanthellate zoanthids (Cnidaria: Hexacorallia) from Taiwan and their *Symbiodinium* spp. *Zool Stud* 2013; 52(1):38.
- 14.Koupaei AN, Mostafavi PG, Mehrabadi JF, et al. Molecular diversity of coral reef-associated zoanthids off Qeshm Island, northern Persian Gulf. *International Aquatic Research* 2014; 6(2): 1-10.
- 15.Koupaei AN, Mostafavi PG, Mehrabadi JF, et al. Diversity of shallow water zoantharians in Hengam and Larak Islands, in the Persian Gulf. *J Mar Biol Assoc U.K.* 2015: 1-11.
16. Baker AC. The symbiosis ecology of reef-building corals [dissertation]. United States: University of Miami, 1999.
- 17.Vrijenhoek R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol Mar Biol Biotechnol* 1994; 3(5): 294-9.
- 18.Sinniger F, Montoya-Burgos J-I, Chevaldonné P, et al. Phylogeny of the order Zoantharia (Anthozoa, Hexacorallia) based on the mitochondrial ribosomal genes. *Mar Biol* 2005; 147(5): 1121-8.
- 19.Reimer JD, Takishita K, Ono S, et al. Molecular evidence suggesting interspecific hybridization in *Zoanthus* spp.(Anthozoa: Hexacorallia). *Zoolog Sci* 2007; 24(4): 346-59.
- 20.Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res* 1994; 22(22): 4673-80.
- 21.MrModeltest2., C program for selecting DNA substitution models using PAUP\*. (Accessed May 5, 2018, at <https://github.com/nylander/MrModeltest2/>).
- 22.Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 1980; 16(2): 111-20.
- 23.Tamura K. Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G+ C-content biases. *Mol Biol Evol* 1992; 9(4): 678-87.
- 24.Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol Biol Evol* 2013; 30(12): 2725-9.

25. Swain TD. *Isozoanthus antumbrosus*, a new species of zoanthid (Cnidaria: Anthozoa: Zoanthidea) symbiotic with Hydrozoa from the Caribbean, with a key to hydroid and sponge-symbiotic zoanthid species. *Zootaxa* 2009; 2051: 41-8.
26. Ong CW, Reimer JD, Todd PA. Morphologically plastic responses to shading in the zoanthids *Zoanthus sansibaricus* and *Palythoa tuberculosa*. *J Mar Biol* 2013; 160(5): 1053-64.
27. Reimer JD, Foord C, Irei Y. Species diversity of shallow water zoanthids (Cnidaria: Anthozoa: Hexacorallia) in Florida. *J Mar Biol* 2012; 2012.
28. Huang D, Meier R, Todd PA, et al. Slow mitochondrial COI sequence evolution at the base of the metazoan tree and its implications for DNA barcoding. *J Mol Evol* 2008; 66(2): 167-74.
29. Sinniger F, Reimer JD, Pawlowski J. Potential of DNA sequences to identify zoanthids (Cnidaria: Zoantharia). *Zoolog Sci* 2008; 25(12): 1253-60.
30. Reimer J, Takishita K, Ono S, et al. Diversity and evolution in the zoanthid genus *Palythoa* (Cnidaria: Hexacorallia) based on nuclear ITS-rDNA. *Coral Reefs* 2007; 26(2): 399-410.
31. Swain TD. Phylogeny-based species delimitations and the evolution of host associations in symbiotic Zoanthusids (Anthozoa, Zoanthusidea) of the wider Caribbean region. *Zool J Linn Soc* 2009; 156(2): 223-38.
32. Mehra R, Yadav DS, Kundu P, et al. First report of *Zoanthus pulchellus* from India. *J Mar Biotechnol* 2015 ;1(1):1-4.
33. Reimer JD, Ishikawa SA, Hirose M. New records and molecular characterization of *Acrozoanthus* (Cnidaria: Anthozoa: Hexacorallia) and its endosymbionts (*Symbiodinium* spp.) from Taiwan. *Marine Biodiversity* 2011; 41(2): 313-23.
34. Ryland JS, Lancaster JE. Revision of methods for separating species of *Protopalythoa* (Hexacorallia: Zoanthidea) in the tropical West Pacific. *Invertebr syst* 2003; 17(3): 407-28.
35. Sinniger F. Zoantharia of New Caledonia. *Compendium of marine species from New Caledonia Documents scientifiques et techniques II* 2006; 7: 127-8.
36. Santos MEA, Kitahara MV, Lindner A, et al. Overview of the order Zoantharia (Cnidaria: Anthozoa) in Brazil. *Marine Biodiversity* 2016; 46(3): 547-59.



Original Article

# Molecular Identification of Shallow Water Zoanthids in the Coast of Bushehr- Persian Gulf

M. Darvishi (MSc)<sup>1</sup>, M. Moradinasab (MSc)<sup>2\*</sup>, S.J. Hosseini (PhD)<sup>3</sup>,  
R. Mohammadnia (DVM)<sup>4</sup>, Z. Aminikhoie (PhD)<sup>5</sup>, S. Nasri (PhD)<sup>1</sup>,  
I. Nabipour (MD)<sup>6</sup>

<sup>1</sup> Department of Biology, School of Science, Tehran Payame NOOR University, Tehran, Iran

<sup>2</sup> The Persian Gulf Tropical Medicine Research Center, The Persian Gulf Biomedical Sciences Research Institute, Bushehr University of Medical Sciences, Bushehr, Iran

<sup>3</sup> Department of Cell and Molecular Biology, School of Science, Persian Gulf University, Bushehr, Iran

<sup>4</sup> Bushehr Veterinary Organization, Bushehr, Iran

<sup>5</sup> Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Iranian Fisheries Science Research Institute (IFSRI), Offshore Research Center, Chabahar, Iran

<sup>6</sup> The Persian Gulf Marine Biotechnology Research Center, The Persian Gulf Biomedical Sciences Research Institute, Bushehr University of Medical Sciences, Bushehr, Iran

(Received 27 Nov, 2017

Accepted 12 Feb, 2018)

## Abstract

**Background:** The order zoantharia (Cnidaria: Anthozoa) which is one of the most unexplored orders are present in the Persian Gulf. This group of cnidarians commonly found in tropical waters at various places in the world and morphological identification to the species level is extremely complicated. In the present study, molecular diversity of shallow water zoanthids from the Bushehr coasts in the Persian Gulf was investigated for the first time.

**Materials and Methods:** Twenty-four colonies of zoanthids with variety of shape and colors have been collected from different locations. After DNA extraction using CTAB-Phenol-Chloroform method, mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (COI), mitochondrial 16S ribosomal DNA (mt 16S rDNA) and the nuclear internal transcribed spacer region of ribosomal DNA (ITS-rDNA) were amplified using polymerase chain reaction (PCR) technique.

**Results:** Based on the obtained sequences, the presence of four species-level clades: *Zoanthus sansibaricus*, *Zoanthus pulchellus*, *Zoanthus sociatus* and *Palythoa aff. mutuki*. *Palythoa aff. mutuki* species observed in this study had identical sequences with previously reported *Palythoa aff. mutuki* in the Persian Gulf. Nevertheless, in the present study two new undescribed species from genus *Zoanthus* (*Z. sociatus* and *Z. pulchellus*) were identified.

**Conclusion:** The results of the present study indicate the efficiency of molecular markers application in comparison with morphological characteristics to identify zoantharia, especially at the species level. Undoubtedly, more studies on zoanthids distribution patterns will increase our knowledge about the biodiversity of the Persian Gulf.

**Key words:** Zoantharia, COI, mt 16S rDNA, ITS-rDNA, Persian Gulf

©Iran South Med J. All rights reserved.

Cite this article as Darvishi: M, Moradinasab M, Hosseini SJ, Mohammadnia R, Aminikhoie Z, Nasri S, Nabipour I. Molecular Identification of Shallow Water Zoanthids in the Coast of Bushehr- Persian Gulf. Iran South Med J 2018; 21(2): 147-161

Copyright © 2018 Darvishi, et al. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-noncommercial 4.0 International License which permits copy and redistribute the material just in noncommercial usages, provided the original work is properly cited.

\*Address for correspondence: The Persian Gulf Tropical Medicine Research Center, The Persian Gulf Biomedical Sciences Research Institute, Bushehr University of Medical Sciences, Bushehr, Iran. Email: m.moradinasab85@gmail.com- ORCID: 0000-0002-1330-835X

Website: <http://bpums.ac.ir>

Journal Address: <http://ismj.bpums.ac.ir>