Archive of SID

بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت های شیر ماهی (*Scomberomorus commerson*) خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای میکروستلایت

احسان عابدی[۱]، حسین ذوالقرنین [۲*]، محمد علی سالاری[۲]، مهدی محمدی[۳]، سید احمد قاسمی[۳]، بیتا ارچنگی[۲]، روزبه میرزا[۲]

۱- گروه علوم زیستی، مرکز اقیانوس شناسی خلیج فارس (بوشهر)، موسسه ملی اقیانوس شناسی
۲- گروه زیست شناسی دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر
۳- گروه بیوتکنولوژی دریا، مرکز مطالعات و پژوهش های خلیج فارس، دانشگاه خلیج فارس بوشهر

چکیده:

در مطالعه حاضر با هدف شناسایی جمعیت های احتمالی و بررسی میزان تنوع ژنتیکی جمعیت های شیر ماهی (*Scomberomorus commerson*) خلیج فارس از پنج جفت آغازگر میکروستلایتی (C83Sc, D61Sc, H96Sc, J43Sc, L42Sc) استفاده گردید. نمونه های شیر ماهی از سه ایستگاه بندر دیر، بندر بوشهر و بندر چوئبده در آب های شمالی خلیج فارس جمع آوری گردید. جهت تعیین اختلاف ژنتیکی با استفاده از این پنج جایگاه از ۱۱۵ نمونه شیر ماهی استفاده گردید. واکنش PCR با تمام آغازگرها به خوبی انجام شد و تمامی پنج جایگاه در هر سه جمعیت چند شکل بودند. سه آلل اختصاصی در سه جایگاه برای جمعیت دیر و یک آلل اختصاصی در یک جایگاه برای جمعیت بوشهر بدست آمد. در بررسی تعادل هاردی - واینبرگ هر سه جمعیت در تمامی جایگاه های ژنی مورد بررسی خارج از تعادل بودند ($P < 0.001$). اختلاف ژنتیکی توسط شاخص Fst برای تخمین ساختار ذخایر اندازه گیری گردید. بر اساس آزمون AMOVA کمترین میزان Fst=۰/۰۲۵ بین نمونه‌های دیر و بوشهر که دارای جریان ژنی ۹/۸۱۸ بود و بیش ترین میزان Fst=۰/۰۵۷ بین نمونه های دیر و چوئبده که دارای جریان ژنی ۴/۱۶۴ بود مشاهده گردید. نتایج حاکی از آن است که احتمالاً یک جمعیت شیر ماهی در ایستگاه های نمونه برداری شده وجود دارد و یک مدیریت یکپارچه شیلاتی - ژنتیکی برای استفاده پایدار از این منبع با ارزش لازم و ضروری است.

واژگان کلیدی: شیر ماهی، *Scomberomorus commerson*، میکروستلایت، خلیج فارس، تنوع ژنتیکی

*نویسنده مسوول، پست الکترونیک: Zolgharnine @yahoo.com

www.SID.ir

Archive of SID

۱. مقدمه

آبزیان به عنوان دومین منبع طبیعی خلیج فارس بعد از نفت محسوب شده و مهمترین منبع تجدید پذیر آن هستند (Carpenter et al., 1997). خلیج فارس در بر گیرنده گونه های مختلف ماهیان می باشد و در این میان تون ماهیان دارای اهمیت بسیار زیادی در زمینه های غذایی، صنعتی، تجاری و ارزآوری هستند. شیر ماهی در میان تون ماهیان و ماهیان استخوانی از ارزش اقتصادی بسیار بالایی برخوردار است، به علت این که سهم قابل توجه ای از فروش ماهیان با مصرف خانگی را به خود اختصاص می دهد. بنابراین کاهش بیش از حد شیر ماهی در بازارها در طول سال های گذشته که توسط عدم وجود مقررات و آئین نامه ها تشدید شده، نگرانی ها را درباره بهره برداری پایداراز این ماهی افزایش داده است.

شیر ماهی در آب های ساحلی سطحی تا اعماق بیش از صد متر ساکن و اغلب در صخره ها و تپه ها تجمع پیدا می کند. این ماهی به طور گسترده در سرتاسر اقیانوس هند - آرام از فیجی در مرکز اقیانوس آرام تا جنوب آفریقا و خلیج فارس در غرب اقیانوس هند و از هنگ کنگ و ژاپن تا استرالیا پراکنده شده است (Van Herwerden et al., 2006). شیر ماهی در دسته های کوچک که دارای مهاجرت های طولانی در طول سواحل اند یافت می شود، اما جالب توجه است که جمعیت های ثابتی نیز از این گونه گزارش شده است (Collet et al., 2001). شیر ماهی دارای تخم ریزی فصلی بوده که دوره تخم ریزی آن وابسته به درجه حرارت آب است. در ابتدای فصل بهار گله های شیر ماهی از شرق دریای عربی و اقیانوس هند برای تخم ریزی به سمت خلیج فارس حرکت می کنند و در خلیج فارس طی ماه های خرداد و تیر تخم ریزی انجام می دهند (نیامیمندی، ۱۳۷۱).

تکنیک های ژنتیک مولکولی به عنوان ابزاری مدرن توانایی شناسایی و تعیین ساختار ذخایر ماهیان هنگامی که پارامترهای فنوتیپیک یا خصوصیات رفتاری به عنوان ابزارهای سنتی و قدیمی ناتوان هستند را دارند (Magoulas, 2005). نشانگرهای ژنتیکی به صورت موفقیت آمیزی جهت تعیین ساختار ذخایر ماهیان و ایجاد ارتباط میان جمعیت های ماهیان استفاده شده اند (Van Herwerden et al., 2006). در میان نشانگر های مختلف DNA رایج که می توان از آنها برای بررسی تنوع ژنتیکی در سطح مولکولی استفاده کرد، نشانگر میکروستلایت حاوی اطلاعات مفیدتر و چند شکلی بیشتری هستند که از ۶-۲ جفت باز تکراری پشت سر هم تشکیل شده اند. به علت سطح بالای چند شکلی، میزان بالای جهش، هم بارزی، تعداد زیاد و پراکنش بالای ژنومی و آنالیز ساده محصول PCR، میکروستلایت ها نشانگرهای مناسبی جهت مطالعات اکولوژیک و تکاملی هستند (Li et al., 2009).

نشانگر های میکروستلایت جهت مطالعه ژنتیک جمعیت ماهیان در ایران طی سالهای اخیر استفاده گردیده اند. صفری در سال ۲۰۰۷ با استفاده از همین روش جمعیت های ماهی شیپ (*Acipenser nudiventris*)را مورد بررسی قرار داد و انحراف از تعادل هاردی- واینبرگ را در تمام مناطق نمونه برداری شده را نشان داد. سالاری علی آبادی در سال ۲۰۰۹ ساختار ژنتیکی ماهی سوکلا (*Rachycentron cacadum*) در خلیج فارس و دریایی عمان را مورد بررسی قرار داد. Ghasemi و همکاران در سال ۲۰۰۷ با استفاده میکروستلایت ها تنوع ژنتیکی ماهی سیم (*Abramis brama orientalis*) دریای خزر را مورد بررسی قرار دادند و ساختار ژنتیکی جمعیت های این گونه در معرض خطر انقراض را در آبهای ایران و جمهوری آذربایجان را مطالعه کردند. همچنین در مطالعات انجام شده بر روی شیر ماهی در خارج از کشور، Van Herwerden و همکاران در سال ۲۰۰۶ با استفاده از نشانگرهای میکرو ستلایت دو جمعیت از شیر ماهی را در شبه جزیره عربی نشان دادند. Hoolihan و همکاران در سال ۲۰۰۶ با استفاده از

www.SID.ir

Archive of SID

نشانگر RFLP جمعیت های شیر ماهی را در منطقه ROPME مورد بررسی قرار دادند و نشان دادند که شیر ماهی این منطقه دارای یک جمعیت واحد با جریا ژنی بالا است.

نظر به اینکه شیر ماهی یکی از ماهیان مهم اقتصادی خلیج فارس می باشد و تاکنون هیچ گونه مطالعه ای بر روی ساختار و تنوع ژنتیکی جمعیت های این گونه در آبهای ایرانی خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای میکروستلایت صورت نگرفته است، لذا این تحقیق با هدف شناسایی ساختار ژنتیکی شیر ماهی در خلیج فارس صورت گرفت تا در صورت امکان جمعیت های احتمالی و میزان تنوع ژنتیکی شیر ماهی مورد بررسی قرار دهد.

۲. مواد و روش کار

نمونه ها به میزان سه تا پنج گرم از بافت نرم باله دمی ۱۱۵ عدد شیر ماهی صید شده در عملیات صیادی کشتی های صیادی صیدگاه های بندر دیر (۴۰ نمونه)، بندر بوشهر (۴۰ نمونه) و بندر چوئبده (۳۵ نمونه) از اسفند۸۷ تا اردیبهشت ۸۸ جدا و برای انتقال به آزمایشگاه بیوتکنولوژی در اتانول ۹۶ درصد فیکس گردید (شکل ۱). استخراج DNA از نمونه های جمع آوری شده طبق روش Perbal در سال ۱۹۹۸ انجام گرفت. به این منظور ۱۰ تا ۲۰ میلی گرم بافت باله در بافر STE به همراه SDS ۱۰ درصد و پروتئیناز K به مدت ۲۴ ساعت هضم گردید. کمیت و کیفیت DNA نمونه ها با استفاده از روش الکتروفورز ۵ میکرولیتر از DNA استخراج شده در ژل آگارز ۰/۷ درصد در بافر TAE تعیین گردید. برای استفاده در واکنش زنجیره ای پلی مراز، نمونه های DNA توسط روش اسپکتروفتومتری در طول موج های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر سنجیده و رقیق گردیدند.

شکل۱. موقعیت مناطق نمونه برداری شده در آب های ایرانی خلیج فارس

تعداد ۵ جفت آغازگر اختصاصی شیر ماهی بر اساس مطالعه Van Herwerden و همکاران در سال ۲۰۰۶ انتخاب و پس از سنتز توسط شرکت متابیون آلمان، طی این پژوهش استفاده گردید (جدول ۱). واکنش زنجیره ای پلی مراز برای نمونه ها در حجم ۲۰ با شرایط ۲ میلی مولار کلرید منیزیم، ۲۰۰ میکرومولار dNTps، ۱ یونیت Taq DNA Polymeras و ۱۰ پیکومول از هر جفت پرایمر و ۱۰۰ نانوگرم DNA ژنومی انجام شد. برنامه گرمایی PCR، در دستگاه ترموسایکلر ساخت شرکت اپندرف، شامل یک چرخه واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۳ دقیقه و سپس تعداد ۳۰ چرخه شامل واسرشت سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها به رشته DNA، بسته به نوع آغازگر (جدول۱) به مدت ۳۰ ثانیه، بسط در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه و در نهایت یک چرخه بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۳ دقیقه بود. قطعات تکثیر شده روی ژل پلی اکریل آمید ۸ درصد با شدت جریان ۱۸۰ میلی آمپر به مدت ۳ ساعت الکتروفورز شد و جهت نمایان کردن قطعات DNA در ژل، از رنگ آمیزی به روش نیترات نقره استفاده گردید.

www.SID.ir

Archive of SID

جدول۱. خصوصیات آغازگرهای اختصاصی مورد استفاده در این مطالعه

جایگاه ژنی	واحد تکرار شونده	توالی پرایمر ´۳ > ´۵	دمای اتصال	اندازه (bp)
C83Sc	$(TG)_5TC(TG)_{11}$	F: ACGCAGCAATGCACCGTGG R: AAGAATCAACACAAACAGCACC	۵۸˚C	۱۶۰-۱۹۰
H96Sc	$(CA)_{13}GA(CA)_2GA(CA)_4$	F: AAAGAATGGAAATTCAGATCAC R: TAAAATGACATCATCCCATGG	۵۶˚C	۱۹۰-۲۰۰
J43Sc	$(TG)_5TT(TG)_7AG(TG)_4$	F: TGATCTAATCAATGGGAGAGG R: TGCTCACATGTGCAAGCAAT	۵۷˚C	۱۳۴-۱۶۴
L42Sc	$(TG)_4CC(TG)_{15}$	F: ATGGCAACGGCGAGATTAAGG R: TCCAGAACAGCAGCAGTTTCC	۵۹˚C	۲۸۰-۳۸۰
D61Sc	$(CA)_{11}AA(CA)_3$	F: CTATCAGCAATTAAGTGTACTAC R: TGTGAGAGGTTCAACAATG	۵۸˚C	۲۸۶-۳۳۶

الگوی نواری بدست آمده از واکنش PCR نمونه ها، در مقابل هر آغازگر بر حسب وزن مولکولی آلل ها با اعداد امتیاز دهی شدند. آنالیز تنوع جمعیت ها در جایگاه های میکروستلایتی شامل فراوانی آللی، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده، ماتریس شباهت و فاصله ژنتیکی (Nei, 1972)، تعادل هاردی - واینبرگ، مقادیر Rst و Fst، جریان ژنی و تنوع ژنتیکی توسط نرم افزار های Genepop version 4 و GenAlex version 6 محاسبه گردید.

۳. نتایج

تمامی پنج جفت پرایمر مورد استفاده در این پژوهش پلی مورف بوده و تمامی لوکوس ها یک یا دو باند را نشان دادند. بر اساس نتایج بدست آمده در این بررسی مجموعاً ۲۵ آلل پلی مورف در پنج لوکوس میکروستلایتی با میانگین ۵ آلل برای هر لوکوس شناسایی شد. لوکوس L42Sc با ۸ آلل، لوکوس های C83Sc و D61Sc با ۷ آلل، لوکوس J43Sc با ۵ آلل و لوکوس H96Sc با ۴ آلل سطوح مختلفی از پلی مورفیسم را نشان دادند. سه آلل اختصاصی در سه جایگاه برای جمعیت دیر و یک آلل اختصاصی در یک جایگاه برای جمعیت بوشهر به دست آمد ولی فراوانی قابل ملاحظه ای نداشتند. چهار آلل اختصاصی، آلل شماره ۷ در لوکوس C83Sc مربوط به منطقه دیر، آلل شماره ۷ در لوکوس D61Sc مربوط به منطقه دیر، آلل شماره ۱ در لوکوس L42Sc مربوط به منطقه دیر و آلل شماره ۱ در لوکوسJ43Sc مربوط به منطقه بوشهر شناسایی شد.

در این مطالعه دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین ۰/۸۷۵ تا ۱ با میانگین ۰/۹۸۸ و دامنه هتروزیگوسیتی مورد انتظار بین ۰/۵ (J43Sc) تا ۰/۸۰۳ (L42Sc) با میانگین ۰/۷۰۸ محاسبه گردید. در تمامی لوکوس ها مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده بیشتر از هتروزیگوسیتی مورد انتظار محاسبه گردید (جدول ۲).

در بررسی تعادل هاردی - واینبرگ در لوکوس‌های مختلف، تمامی لوکوس‌ها در هر سه جمعیت مورد بررسی انحراف از تعادل هاردی - واینبرگ را نشان داده و خارج از تعادل بودند. همچنین هیچ کدام از پنج لوکوس عدم تعادل پیوستگی را نشان ندادند.

میزان Fst برای جمعیت های مختلف به صورت دو به دو و بر اساس آزمون AMOVA اندازه گیری شد و بر این اساس بیش ترین میزان Fst میان جمعیت های دیر و چوئبده با ۰/۰۵۷ و کمترین میزان Fst میان جمعیت های دیر و بوشهر با ۰/۰۲۵بدست آمد. همچنین بیش ترین جریان ژنی در بین جمعیت های دیر و بوشهر با ۹/۸۱۸ و کمترین جریان ژنی در بین جمعیت های دیر و چوئبده با ۴/۱۶۴ اندازه گیری شد.

www.SID.ir

Archive of SID

جدول۲. پارامترهای ژنتیکی در جمعیت های مورد مطالعه

جایگاه ژنی	ویژگی	دیر	بوشهر	چوئبده
C83Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۳۵
	تعدادآلل ها	۷	۶	۵
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۳۲	۰/۶۵۳	۰/۶۹۴
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۰/۹۷۵	۰/۹۷۵	۱
D61Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۳۵
	تعدادآلل ها	۷	۶	۴
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۶۸۹	۰/۷۷۲	۰/۵۷۵
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۰/۸۷۵	۱
H96Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۳۵
	تعدادآلل ها	۴	۴	۴
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۱۰	۰/۷۴۸	۰/۷۲۵
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۱	۱
J43Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۳۵
	تعدادآلل ها	۴	۵	۲
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۴۶	۰/۷۲۸	۰/۵
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۱	۱
L42Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۳۵
	تعدادآلل ها	۸	۶	۷
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۸۰۳	۰/۷۵۸	۰/۷۸۹
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۱	۱

همچنین بر اساس نتایج بدست آمده از آزمون AMOVA برای پارامتر Rst بیش ترین میزان Rst میان جمعیت دیر و چوئبده این میزان برابر با۰/۰۳۲ بود (جدول ۳).

در این مطالعه بر اساس Nei(1972) بیش ترین فاصله ژنتیکی و کمترین شباهت بین جمعیت های چوئبده و دیر به ترتیب با ۰/۱۶۳ و۰/۸۵ و کمترین فاصله ژنتیکی و بیش ترین شباهت بین جمعیت های دیر و بوشهر به ترتیب با ۰/۰۸۸ و ۰/۹۱۵ محاسبه گردید. تنوع ژنتیکی بر اساس سلسله مراتب جمعیتی ۳ جمعیت و ۲ منطقه بر اساس آزمون AMOVA در سطح احتمال ۰/۰۱ بر اساس Fst محاسبه گردید. بر این اساس بیش ترین درصد اختلاف ۹۷٪ مربوط به افراد درون هر جمعیت می باشد و کمترین درصد اختلاف ۱ ٪ به تفاوت میان مناطق مربوط می شود. اختلاف میان جمعیت ها نیز برابر با ۲ ٪ محاسبه گردید.

۴. بحث و نتیجه گیری

سطوح بالای تنوع ژنتیکی توانایی جمعیت ها را در پاسخ به انتخاب طبیعی و سلامت افراد آن جمعیت افزایش می دهد. ساده ترین ابزار برای بررسی

www.SID.ir

Archive of SID

جدول۳. محاسبه F_{st}، R_{st} و جریان ژنی بر اساس آزمون AMOVA

جمعیت ۱	جمعیت ۲	F_{st}	جریان ژنی (Nm)	R_{st}
دیر	بوشهر	۰/۰۲۵	۹/۸۱۸	۰/۰۲۶
دیر	چوئبده	۰/۰۵۷	۴/۱۶۴	۰/۰۳۲
بوشهر	چوئبده	۰/۰۳۱	۷/۸۴۵	۰/۰۰۶

تنوع ژنتیکی در یک جایگاه، محاسبه فراوانی آلل ها است (Kalinowski, 2005). به طور متوسط تعداد آلل در هر لوکوس در ماهیان آب شور ۲۰/۶ آلل است (Dewoody and Avise, 2000). در این مطالعه میانگین تعداد آللی مشاهده شده (۵ آلل) از متوسط تعداد آلل در هر لوکوس در ماهیان آب شور کمتر می باشد که احتمالاً به دلیل جریان ژنی بالا در خلیج فارس، میزان بالای مهاجرت در مولدین شیر ماهی و آمیزش خویشاوندی در محیط نسبتاً بسته خلیج فارس می باشد. احتمالاً لاروهای پلاژیک شیر ماهی ظرفیت نگهداری ارتباط ژنتیکی بین مناطق نمونه برداری در درون و در میان مناطق را نیز دارند (Gold et al., 2002).

بررسی تعداد آلل های اختصاصی در جمعیت های مختلف جهت حفاظت ژنتیکی بسیار مفید است. بر اساس فراوانی آلل‌های اختصاصی جایگاه‌های مختلف مورد مطالعه، هیچ کدام از آلل های اختصاصی ذکر شده فراوانی بالای ۲۵٪ نداشتند و به دلیل فراوانی پایین نمی توان آنها را کاملاً اختصاصی فرض نمود.

عدم وجود یک مانع قابل توجه برای جلوگیری از پراکنش ماهیان در محیط دریایی، به طور موثری هتروزیگوسیتی را میان جمعیت ها کاهش می دهد. این موضوع مخصوصاً برای گونه های پرتحرک و مهاجر با لاروهای پلانکتونیک مانند شیر ماهی کاملاً صادق می باشد (Van Herwerden et al., 2006). یافته های مطالعه حاضر و مطالعات مشابه در مورد هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی نشان می دهد که اعضاء جنس Scomberomorus دارای تحرک بالا و اختلاط جمعیتی در مناطق شان هستند. برای مثال Broughton و همکاران در سال ۲۰۰۲ با مقایسه ۵ لوکوس میکروستلایتی S. cavalla در غرب آتلانتیک و خلیج مکزیک به این نتیجه رسیدند که هتروژنیتی ضعیف بین مناطق به واسطه جریان ژنی همراه با هم آمیختگی ذخیره ژنی وجود دارد. Hoolihan و همکاران در سال ۲۰۰۶ بوسیله نشانگرهای RFLP نشان دادند که واگرایی بسیار کمی درمیان ۷ جمعیت و ۲ گروه آنالیز شده از شیر ماهی وجود دارد و پیشنهاد کردند که اختلاط در بین جمعیت های شیر ماهی منطقه ROPME وجود دارد.

در بررسی تعادل هاری – واینبرگ درجمعیت های مختلف مورد بررسی در تمامی لوکوس ها انحراف معنا داری از تعادل در سطح $\mathbf{P} <$ ۰/۰۰۱ وجود داشت. شیر ماهی یک گونه نرتیک است و غالباً محل زندگی آن آب های کم عمق ساحلی و در ارتباط با فلات قاره است، بالغین این گونه مهاجرت های فصلی طولانی انجام می دهند. با توجه به سیکل زندگی لارو و بالغ شیر ماهی و اینکه این گونه احتمالاً مهاجرت هایی را در طول خط ساحلی انجام می دهد، کاهش اختلافات ژنتیکی و انحراف از تعادل هاردی – واینبرگ غیر منتظره نیست (Van Herwerden et al., 2006). بر اساس نتایج بیش ترین فاصله ژنتیکی و

www.SID.ir

Archive of SID

کمترین شباهت بین جمعیت های چوئبده و دیر و کمترین فاصله ژنتیکی و بیش ترین شباهت بین جمعیت های دیر و بوشهر محاسبه گردید که کاملاً تابعی از فاصله جغرافیایی است.

معمولاً Fst برای ماهیان دریایی پایین است، میانگین Fst برای ماهیان دریایی ۰/۰۲۰ گزارش شده است (Waples, 1998). ۰/۰۵ > Fst نشان می دهد که جریان ژنی در میان جمعیت ها مقداری محدود شده و اجازه می دهد تا بعضی از جمعیت ها به زیر جمعیت هایی تقسیم شوند (Hoolihan et al., 2006). در این مطالعه بیش ترین مقدار Fst=۰/۰۵۷ بین جمعیت دیر و چوئبده مشاهده گردید که نشان دهنده تمایز ژنتیکی پائینی بین دو منطقه می باشد. تخمین جریان ژنی با استفاده از Fst ، که ارتباط بین زیر جمعیت ها و فراوانی آلل هایشان، میزان درون آمیزی و میزان تبادلات بین ماهیان را نشان می دهد، به اندازه ای بود که مهاجرت یا جریان ژنی دو جانبه میان جمعیت ها را در این مطالعه پیشنهاد می کند. مشکل اصلی Fst در میکروستلایت حساسیت پایین آنها به جهش نسبت به جریان ژنی یا مهاجرت است به طوری که در وضعیت SMM، میزان Fst مستقل از میزان جهش است. Rst در میکروستلایت ها حساسیت بالاتری به جهش نسبت به جریان ژنی یا مهاجرت دارد و کمتر از Fst تمایز جمعیت را منعکس می کند و در مدل SMM، Rst در کم کردن اختلاف نمونه ها مناسب تر از Fst خواهد بود. معمولاً میزان Rst میانگین بالاتری نسبت به Fst دارد زیرا در سطح تمایز جمعیت اثر جهش بیشتر از مهاجرت است (سالاری علی آبادی، ۱۳۷۸).

بر اساس نتایج بدست آمده تنوع ژنتیکی چندانی بین جمعیت های موجود در منطقه وجود ندارد، اگر چه تنوع ژنتیکی مناسبی در درون هر یک از جمعیت ها مشاهده می شود که حاکی از بالا بودن نرخ خویش آمیزی و همچنین جریان ژنی نسبتاً زیاد بین جمعیت ها و مناطق نمونه برداری است. نتایج بدست آمده از این مطالعه ممکن است به سبب تعداد پرایمرها و نمونه های موجود محدود باشد. بنابراین، داده های ژنتیکی و آنالیزهای بیشتری برای تائید وجود یا عدم وجود تفاوت های ژنتیکی بیشتر بین ذخایری که تفاوتی را نشان نداده اند، پیشنهاد می شود. این مهم با افزایش لوکوس های میکروستلایتی و تعداد نمونه ها در هر ایستگاه (حداقل ۱۰۰ نمونه) برای نمایان ساختن ساختار ژنتیکی معنی دار علیرغم مقدار پایین Fst (۰/۰۱ >) بدست می آید (Kalinowsk, 2005).

این مطالعه به هدف اصلی خود یعنی ارزیابی کارآمدی نشانگرهای میکروستلایت برای مطالعات ژنتیک جمعیت شیر ماهی نائل گردید و علی‌رغم تخریب زیستگاه، فشار صیادی، آلودگی‌های شدید زیست محیطی وکاهش شدید ذخایر شیر ماهی در خلیج فارس هنوز تنوع ژنتیکی در این ماهی نسبتاً بالا بوده و برای حفظ این تنوع باید برنامه ریزی لازم صورت پذیرد. با توجه به ارزیابی مقادیر بدست آمده می‌توان جمع‌بندی کرد که احتمالاً یک جمعیت شیر ماهی در خلیج فارس وجود دارد و یک مدیریت یکپارچه شیلاتی، ژنتیکی و منطقه ای برای بهره برداری پایدار از این منبع با ارزش لازم و ضروری است. به نظر می‌رسد جمعیت شیر ماهی بندر دیر وضعیت بهتری نسبت به سایر جمعیت‌ها داشته باشند. کمترین مقدار تنوع ژنتیکی در جمعیت شیر ماهی بندر چوئبده دیده شد که علت آن احتمالاً به این دلیل است که ماهیان مولد در کناره های صخره ها و تپه های دریایی تخم ریزی می کنند و این شرایط در آبهای خوزستان به علت نوع بستر گلی و

www.SID.ir

Archive of SID

خصوصیات فیزیکی و شیمیایی متفاوت از دیگر نقاط خلیج فارس در اکثر فصول سال فراهم نمی باشد.

تشکر و قدردانی

از ریاست و کارکنان محترم مرکز مطالعات و پژوهش های خلیج فارس و همچنین ریاست و اساتید بزرگوار دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر تشکر و قدردانی می کنم. از جناب آقای مهندس عقیل امینی، مهندس حسن فولادی و ناخدا ایمان عابدی که در جمع آوری نمونه های این مطالعه همکاری داشتند نیز تشکر و قدردانی می کنم.

منابع

سالاری علی آبادی، م. ع. ۱۳۸۷. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت های ماهی سوکلا (*Rachycentron canadun*) در خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از روش مولکولی میکروستلایت. پایان نامه دکتری، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، ۱۹۱ ص.

صفری، م. ۱۳۸۵. بررسی ساختارجمعیت ماهی شیپ (*Acipenser nudiventris*) دریای خزر با استفاده از روش میکروستلایت. پایان نامه کارشناسی ارشد شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ۱۰۸ ص.

نیامیمندی، ن. ۱۳۷۱. پروژه توسعه ماهیگیری با مشارکت فائو، بررسی ذخایر سطح زی خلیج فارس. گزارش اول، مرکز تحقیقات شیلات خلیج فارس، بوشهر، ۱۵۰ ص.

Broughton, R. E., Stewart, L. B. and Gold, J. R. 2002. Microsatellite variation suggests substantial gene flow between king mackerel (Scomberomorus cavalla) in the western Atlantic Ocean and Gulf of Mexico. Fish. Res. 54: 305-316.

Carpenter, K. E., Krupp, F., Jones, D. A. and Zajonz, U. 1997. The Living marine resources of Kuwait, Eatern Saudi Arabia, Bahrain, Qatar and UAE. FAO Species Identification Field guide for fishery Purposes, FAO Publication, Rome, Pp: 1-293.

Collette, B. B., Carpenter, K. E. and Niem, V. 2001. The Living Marine Resources of the Western Central Pacific, Scombridae, Tunas (also, albacore, bonitos, mackerels, seerfishes and Wahoo). FAO Species Identification Field Guide for Fishery Purposes, FAO Publication, Rome, Pp: 3721-3756.

Dewoody, J. A. and Avise, J. C. 2000. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadramous fishes compared with other animals. J. Fish Biol. 56: 461-473.

Ghasemi, A,. Keyvanshokooh, S., Shahriari-Moghadam, M., Khara, H. and Sourinejad, I. 2007. Genetic comparison of Iranian and Azeri populations of the oriental bream Abramis brama orientalis (Berg) using microsatllites. Aquac. Res. 38: 1742-1746.

Gold, J. R., Pak, E. and DeVries, D. A. 2002. Population structure of kingmackerel (Scomberomorus cavalla) around peninsular Florida, asrevealed by microsatellite DNA. Fish. Bull. 100: 491-509.

Hoolihan, J. P., Anandh, P. J., Herwerden, L. V. 2006. Mitochondrial analyses of narrow - barred Spanish mackerel (Scomberomorus commerson) suggests a single genetic stock in the ROPME sea area. ICES J. Mar. Sci. 63:1066-1074.

Kalinowski, S. T. 2005. Do polymorphic loci require large sample sizes to estimate genetic distances. J. Hered. 94: 33-36.

Li, J., Wang, G. and Bai, Z. 2009. Genetic variability in four wild and two farmed stocks of the Chinese freshwater pearl mussel (Hyriopsis cuminggii) estimated by microsatellite DNA. Aquaculture. 287: 286-291.

Magoulas, A. 2005. Mitochondrial DNA. In Stock Identification Methods

www.SID.ir

Archive of SID

Van Herwerden, L. V., Mcllwain, J., Al-Ouf, H., Al-Amry, W. and Reyes, A. 2006. Development and application of microsatellite markers for Scomberomorus commerson (Perciformes; Teleostei) to a population genetic study of Arabian Peninsula stocks. Fish. Res. 79: 258-266.

Waples, R. S. 1998. Separating the wheat from the chaff: patterns of genetic differentiation in high gene flow species. J. Hered. 98: 438-450.

Applications in Fishery Science, Pp: 311-330.

Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. Am. Nat. 106: 283-292.

Peakall, R. and Smouse, P.E. 2006. GENALEX version 6. Genetic analysis in Exel, population genetic software for teaching and research. Mol. Ecol. Notes. 6: 288-295.

Raymond, M. and Rousset, F. 2008. Genepop version 4.0. Institut Laboratiore de Genetique et Environment, Montpellier, France.

www.SID.ir