

تنوع و تمایز ژنتیکی ماهی شیر (*Scomberomorus commerson*) در سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان با روش مولکولی ریزماهوره

- **مهرنوش نوروژی***: گروه زیست‌شناسی دریا، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن، صندوق پستی: ۴۶۸۱۷
- **مهدی زاهدی‌پور**: گروه زیست‌شناسی دریا، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن، صندوق پستی: ۴۶۸۱۷

تاریخ دریافت: آبان ۱۳۹۴ تاریخ پذیرش: بهمن ۱۳۹۴

چکیده

هدف مطالعه حاضر، بررسی ساختار ژنتیکی ماهی شیر *Scomberomorus commerson*، در خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از جایگاه‌های ریزماهوره بود. ۹۰ نمونه ماهی شیر بالغ، در مجموع از سه منطقه کنارک و پسابندر در استان سیستان و بلوچستان، بندرعباس در استان هرمزگان و دیر در استان بوشهر، جمع‌آوری شد. پنج جفت پرایمر ریزماهوره (F۶Sc، J۴۳Sc، H۹۶Sc، C۸۳Sc) و L۴۲Sc) برای تعیین تمایز ژنتیکی استفاده گردید. بر اساس نتایج، میانگین الی در جایگاه‌های مختلف 0.68 ± 0.07 (دامنه آن از ۴ تا ۱۳ ال) به دست آمد. نمونه‌های تمامی مناطق دارای ال‌های اختصاصی بودند. میانگین ضریب خویشاوندی در جایگاه‌های ریزماهوره مثبت محاسبه شد. میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده به ترتیب 0.05 ± 0.07 و 0.01 ± 0.05 محاسبه شد. تمامی جایگاه‌ها خارج از تعادل هاردی وینبرگ بودند. میزان شاخص تمایز و جریان ژنی بر اساس فراوانی الی به ترتیب 0.127 و 0.11 محاسبه شد. بر اساس آزمون AMOVA، شاخص‌های تمایز Fst و Rst تفاوت معنی‌داری بین مناطق نمونه‌برداری نشان داد ($p < 0.01$). میزان فاصله ژنتیکی نیز نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی بین گروه‌های مورد مطالعه بود. مطالعه حاضر نشان‌دهنده وجود گروه‌های متمایز ژنتیکی ماهی شیر در خلیج فارس و دریای عمان می‌باشد.

کلمات کلیدی: ماهی شیر، *Scomberomorus commerson*، ژنتیک جمعیت، ریزماهوره



۱۹۹۱). سپس تصویر ژل‌ها با استفاده از نرم‌افزار Uvitec مورد بررسی قرار گرفت.

۳۵ چرخه بهینه سازی گردید (جدول ۱). محصول PCR بر روی ژل پلی‌اکریل آمید ۸ درصد (دیونیزه) الکتروفورز شد و رنگ آمیزی ژل با نیترات نقره انجام گرفت (Bassam و همکاران،



شکل ۱: نمایی از مناطق نمونه‌برداری از ماهی شیر که در آن آب‌های استان‌های سیستان و بلوچستان، هرمزگان و بوشهر نشان داده شده است

جدول ۱: خصوصیات جایگاه‌های ریزماهواره در شیر ماهی

اندازه باند	دما	MgCl ₂	توالی پرایمر	تکرار موتیف	جایگاه
۱۴۲-۲۰۰	۵۷	۲/۵	F ACGCAGCAATGCACCGTGG R AAGAATCAACAAACAGCACC	(TG)۵TC(TG)۱۱	C۸۳Sc
۱۵۶-۲۱۰	۵۵	۲/۵	F AAAGAATGGAATTCAGATCAC R TAAAATGACATCATCCCATGG	(TG)۵TT(TG)۷AG(TG)۴	H۹۶Sc
۱۳۰-۱۸۸	۵۵	۱/۷۵	F TGATCTAATCAATGGGAGAGG R TGCTCACATGTGCAAGCAAT	(TG)۴CC(TG)۱۵	J۴۳Sc
۱۴۴-۲۰۸	۵۶	۲/۱۲	F TGATGAGGCTGAAAGACTGAC R AGGTAGTGACCAACGCTCC	(TGTC)۸	F۶Sc
۲۵۲-۳۰۲	۵۹	۱/۲۵	F ATGGCAACGGCGAGATTAAGG R TCCAGAACAGCAGCAGTTTC	(CA)۱۳GA(CA)۲GA(CA)۴	L۴۲Sc

شمارش الگوی بانندی در تمامی جایگاه‌ها یکی و در برخی موارد دو باند دیده شد که از خصوصیات الگوی دیپلوئید است. اندازه الی به‌دست آمده از ۱۳۰ تا ۳۰۲ جفت باز بود (جدول ۱). در مجموع ۷۹ ال در ۹۰ نمونه شناسایی شد که بسیاری از آن‌ها در فراوانی کم‌تر از ۰/۰۵ قرار داشتند. به‌طوری‌که در نمونه‌های آب‌های بوشهر از دو ناحیه دیر و کنگان و بندرعباس فقط ۲۶ ال و در نمونه‌های چابهار ۲۸ ال در فراوانی بیش‌تر از ۰/۰۵ شناسایی گردید. جایگاه J۴۳Sc بیش‌ترین میزان فراوانی الی را از ۰/۱۶۷ تا ۰/۴۳۳ نشان داد. میانگین تعداد ال واقعی و موثر به ترتیب ۷/۵±۰/۶۸ و ۴/۹±۰/۵۶ و دامنه الی از ۴ تا ۱۳ ال در جایگاه‌های مختلف به‌دست آمد. دامنه الی در جایگاه F۶Sc از ۶ تا ۱۳ ال (AR=۱۲/۶)، L۴۲Sc از ۶ تا ۷ ال (AR=۱۳/۵۹)، H۹۶Sc از ۴ تا ۷ ال (AR=۱۳/۵)، C۸۳Sc از ۷ تا ۱۲ ال (AR=۱۵/۷)، J۴۳Sc از ۴ تا ۱۰ ال (AR=۱۴/۵) مشاهده گردید (جدول ۲). مجموعاً ۹ ال اختصاصی یافت شد. تعداد ال اختصاصی در فراوانی بیش‌تر از ۰/۰۵ در نمونه‌های بوشهر ۴ ال (جایگاه‌های

پس از رتبه‌دهی به آل‌ها محاسبات آماری شامل فراوانی آلی، تعداد آلی (Na) و تعداد آل‌های موثر (Ne)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و مشاهده شده (Ho)، ضریب خویشاوندی درون جمعیت (Fis) و ضریب خویشاوندی کل (Fit)، تعادل هاردی واینبرگ براساس χ^2 ، تست تمایز براساس فراوانی آلی، فاصله ژنتیکی براساس Nei (۱۹۷۲) و مقادیر شاخص تمایز Fst Rst و براساس آزمون AMOVA در سطح اطمینان ۹۹ درصد با نرم‌افزار GeneAlex ورژن ۶ محاسبه گردید (Peakall و Smouse، ۲۰۰۹). همچنین تمایز ژنتیکی و غنی‌سازی آلی (AR) با استفاده از نرم‌افزار ۳.۵ Arlequin (Excoffier و Lischer، ۲۰۰۵) با استفاده از ۱۰۰۰۰ بار شبیه‌سازی در هر مورد محاسبه شد.

نتیجه

در این مطالعه از ۸ جایگاه مورد بررسی فقط پنج جایگاه (C۸۳Sc، H۹۶Sc، J۴۳Sc، F۶Sc و L۴۲Sc) در PCR تکثیر شدند و چندشکلی (پلی‌مورف) نشان دادند. در هنگام



میانگین بالاترین میزان هتروزیگوسیتی را در تمامی جایگاهها نشان داد.

دامنه شاخص تمایز Fst براساس فراوانی الی از ۰/۰۳۷ تا ۰/۰۴۴ به دست آمد (جدول ۴) که نشان دهنده تمایز ژنتیکی کم می باشد (Lugan و Balloux, ۲۰۰۲). میزان Rst، Fst و جریان ژنی براساس آزمون AMOVA، معنی دار بود ($p < 0.01$). دامنه فاصله ژنتیکی براساس Nei (۱۹۷۲)، ۰/۵۷۶ تا ۰/۶۶۶ و دامنه شباهت ژنتیکی ۰/۳۹۵ تا ۰/۴۱۳ به دست آمد (جدول ۵). نتایج حاصل از آنالیز واریانس مولکولی در سطح ۹۹ درصد براساس شاخص تمایز Fst نشان داد که اختلاف بین افراد ۶۳٪، اختلاف درون افراد ۲۲ درصد و اختلاف بین جمعیتها ۱۵ درصد است.

H۹۶Sc، F۶Sc و CA۳Sc)، بندرعباس ۲ ال (جایگاههای H۹۶Sc و CA۳Sc) و چابهار ۳ ال (جایگاههای L۴۲Sc و H۹۶Sc) بود که این الها در هیچ یک از دیگر مناطق نمونه برداری شناسایی نشد (جدول ۲).

در این بررسی، دامنه Ho در تمامی جایگاهها از ۰/۳۰۱ تا ۰/۷۲۱ با میانگین 0.571 ± 0.1 و دامنه He از ۰/۶۴۹ تا ۰/۸۶۲ با میانگین 0.783 ± 0.05 بود (جدول ۳). در بررسی تعادل هاردی واینبرگ (H-W) همه جایگاهها خارج از تعادل بودند ($p \leq 0.001$). میانگین ضریب خویشاوندی درون جمعیت (Fis)، 0.106 ± 0.0741 و ضریب خویشاوندی کل (Fit)، ۰/۰۹۴ ± 0.0770 به دست آمد. Fis به جز در جایگاه CA۳Sc در تمامی جایگاههای ریزماهوره مثبت بود (جدول ۳) که نشان دهنده کاهش هتروزیگوسیتی است. جایگاه H۹۶Sc با کمترین میزان Fis به طور

جدول ۲: نتایج الی تنوع ژنتیکی جمعیتهای مورد مطالعه ماهی شیر

مناطق نمونه برداری / جایگاه	بوشهر	بندرعباس	چابهار	میانگین (±SD)
CA۳Sc	N_a	(۱)۷	۷	۱۵/۷۸ (±۲/۱)
	Ne	۴/۷۷	۴/۶۳	
	A_R	۷	۷	
H۹۶Sc	N_a	(۲) ۷	(۲) ۵	۱۳/۵۹ (±۱/۶)
	Ne	۶	۴/۰۱	
	A_R	۷	۵	
J۴۳Sc	N_a	۴	۱۰	۱۴/۵۱ (±۱/۱)
	Ne	۲/۸۴	۶/۶۹	
	A_R	۴	۱۰	
F۶Sc	N_a	(۱)۱۳	۶	۱۲/۶۷ (±۲)
	Ne	۶/۵۲	۳/۳۲	
	A_R	۱۳	۶	
L۴۲Sc	N_a	۷	(۱) ۶	۱۳/۵۹ (±۲/۲)
	Ne	۵/۷۱	۴/۴۱	
	A_R	۷	۶	
(±SD) میانگین	N_a	۷/۲	۶/۸	۷/۵۳ ± ۰/۶۸
	Ne	۵/۶۶	۴/۶۱	۴/۹۶ ± ۰/۵۶
مجموع ال با فراوانی < ۰/۰۵ در هر منطقه		۲۶	۲۸	
مجموع ال اختصاصی در هر منطقه		۴	۳	

• تعداد الی (Na)، تعداد ال موثر (Ne) و غنی سازی الی (Ar)، داخل پرانتز (تعداد ال اختصاصی)



جدول ۳: نتایج هتروزایگوسیتی در تنوع ژنتیکی و ضریب خویشاوندی جمعیت‌های مورد مطالعه ماهی شیر

چاپهار	بندرعباس	بوشهر	مناطق نمونه برداری/ جایگاه
۰/۷۱۵	۰/۷۱۰	۰/۷۲۱	Ho
۰/۷۸۴	۰/۷۹۱	۰/۸۶۲	He
۰/۲۵۱	-۰/۰۳۷	۱/۰۰۰	Fis
۰/۴۳۳	۰/۵۱۰	۰/۳۰۱	Ho
۰/۷۵۱	۰/۶۴۸	۰/۸۳۳	He
۱/۰۰۰	۱/۰۰۰	۱/۰۰۰	Fis
۰/۵۹۵	۰/۶۲۰	۰/۶۵۰	Ho
۰/۸۵۱	۰/۸۳۳	۰/۶۴۹	He
۰/۹۶۲	۰/۸۸۴	۱/۰۰۰	Fis
۰/۶۳۳	۰/۶۵۰	۰/۶۶۰	Ho
۰/۶۹۹	۰/۸۰۲	۰/۸۴۷	He
۰/۱۱۱	۰/۸۳۹	۱/۰۰۰	Fis
۰/۵۲۳	۰/۵۲۰	۰/۳۲۰	Ho
۰/۷۷۳	۰/۷۵۷	۰/۸۲۵	He
۱/۰۰۰	۰/۶۵۷	۰/۴۰۸	Fis
۰/۵۸۰(±۰/۱۰)	۰/۶۰۲(±۰/۱۳)	۰/۵۳۰(±۰/۱۱)	Ho
۰/۷۷۲(±۰/۰۲)	۰/۷۷۳(±۰/۰۲)	۰/۸۰۳(±۰/۰۳)	He
۰/۶۸۱(±۰/۱۰)	۰/۶۶۵(±۰/۰۹)	۰/۸۷۹(±۰/۱۰)	Fis

• ضریب خویشاوندی (Fis)، هتروزایگوسیتی مشاهده شده (Ho) و قابل انتظار (He)

جدول ۴: شاخص تمایز (Fst) در قسمت بالای جدول و جریان ژنی (Nm) در قسمت پایین جدول در ماهی شیر

چاپهار	بندرعباس	بوشهر	شاخص تمایز جریان ژنی
۰/۰۳۷	۰/۰۳۸	-	بوشهر
۰/۰۴۴	-	۲/۳۰۱	بندرعباس
-	۲/۱۵۹	۲/۳۳۷	چاپهار

جدول ۵: شباهت ژنتیکی در قسمت بالای جدول و فاصله ژنتیکی در قسمت پایین جدول در ماهی شیر.

چاپهار	بندرعباس	بوشهر	شباهت ژنتیکی فاصله ژنتیکی
۰/۴۱۳	۰/۴۰۸	-	بوشهر
۰/۳۹۵	-	۰/۵۹۹	بندرعباس
-	۰/۶۶۶	۰/۵۷۶	چاپهار

ریزماهوره‌هاست که محل باند شدن با پرایمرها می‌باشد (Cui و همکاران، ۲۰۰۵).

دامنه الی ماهی شیر در این بررسی، ۴ تا ۱۳ ال در هر جایگاه و میانگین تعداد الی مشاهده شده $7/5 \pm 0/68$ ال به دست آمد که از متوسط تعداد ال در هر جایگاه در ماهیان دریایی ($20/6 \pm 11/8$) کم‌تر است (Awise و Dewoody، ۲۰۰۰). در مقایسه با سایر محققین، Herwerden و همکاران (۲۰۰۶)، در ماهی شیر دریای عمان با استفاده از همین ۵ جفت پرایمر، دامنه

بحث

در بررسی حاضر، از هشت جفت پرایمر ریزماهوره که برای تن ماهیان طراحی شده بود، فقط ۵ جفت آن در PCR تکثیر شدند. می‌توان ریزماهوره‌ها را در گونه‌هایی با خویشاوندی نزدیک که از جد مشترکی باشند در اکثر موارد با موفقیت استفاده کرد. اما با افزایش فاصله فیلوژنتیکی میزان موفقیت کاهش می‌یابد و علت آن قرار گرفتن بازهای جانشین در مناطق پهلویگیری



از صید بی‌رویه و زوال تولید مثل در محیط طبیعی باشد (Alam و Islam، ۲۰۰۰). در مناطق مختلف خلیج فارس آلودگی نفتی به همراه سایر آلودگی‌های شهری، کشاورزی و صنعتی سبب تخریب این بوم سامانه ارزشمند شده و منابع با ارزش آبزیان موجود در آن در معرض خطر آلودگی‌های مختلف قرار گرفته‌اند و موجب تهدید جمعیت‌های آبی موجود در آن شده است (Pourang و همکاران، ۲۰۰۵). علاوه بر آلودگی‌های مختلف این مناطق که موجب کاهش زادآوری می‌شود، صید بی‌رویه است که با گذشت زمان موجب کاهش الی و کاهش هتروزیگوسیتی در ذخایر می‌گردد. از این رو به نظر می‌رسد که ذخیره مورد نظر، فشار صیادی زیادی را متحمل می‌شود. این نتایج با یافته‌های Al-Oufi و همکاران (۲۰۰۴)، Grandcourt و همکاران (۲۰۰۵) که اظهار می‌کنند ذخایر ماهی در منطقه راپمی شامل خلیج فارس، دریای عمان و بخشی از دریای عرب به ور بی‌رویه برداشت می‌شود، مطابقت می‌کند. لذا باید راهکارهای مدیریتی به منظور کاهش خطرات فشار صیادی بر ذخیره ماهی شیر در منطقه مورد مطالعه ارائه شود. در صورت ادامه وضعیت موجود این احتمال وجود دارد که شاهد کاهش شدید در اندازه جمعیت این گونه در آینده نزدیک بود.

در بررسی حاضر بر روی ماهی شیر، همه جایگاه‌ها خارج از تعادل هاردی-واینبرگ بودند ($p < 0/001$). با توجه به این که این ماهی دریازی، نریتیک، پلاژیک، اقیانوس رو و دارای مهاجرت‌های طولانی ساحلی است، بنابراین انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ در آن قابل توجیه است (Herwerden و همکاران، ۲۰۰۶). کم بودن تعداد نمونه مورد بررسی نیز می‌تواند عامل دیگری برای انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ در تن ماهیان باشد (Xing و همکاران، ۲۰۰۹). نتایج هتروزیگوسیتی این بررسی و مقایسه آن با سایر مطالعات (عابدی و همکاران، ۱۳۸۹؛ Herwerden و همکاران، ۲۰۰۶) بر روی تن ماهیان نشان می‌دهد که اعضای جنس *Scomberomorus* دارای تحرک بالا و اختلاط جمعیتی در منطقه هستند. عابدی و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های ماهی شیر در آب‌های شمالی خلیج فارس، دلیل انحراف را مهاجرت‌های فصلی طولانی این ماهی اعلام کردند. در بررسی حاضر به نظر می‌رسد، مهاجرت و اختلاط جمعیت‌ها مهم‌ترین عاملی است که سبب می‌گردد تعادل هاردی-واینبرگ برقرار نباشد.

بر اساس آزمون AMOVA میزان *Fst* و *Rst* بین مناطق نمونه‌برداری معنی‌دار بود ($p < 0/001$). از این رو به نظر می‌رسد که گروه‌های مختلف ژنتیکی در مناطق نمونه‌برداری وجود دارد. پیش‌تر صادقی (۱۳۸۰) اعلام کرده بود، با وجود این که ماهی شیر با مهاجرت‌های طولانی ساحلی شناخته می‌شود، ولی جمعیت‌های ساکن و دائمی آن‌ها نیز وجود دارند. پایین بودن مقدار *Fst* در

الی را ۹ (CA۳Sc) تا ۲۸ (L۴۲Sc) الل شناسایی کردند. عابدی و همکاران (۱۳۸۹) میانگین تعداد الی ماهی شیر آب‌های شمالی خلیج فارس را ۵ الل گزارش کردند و دلیل این کاهش را نسبت به ماهیان آب شور جریان ژنی بالا در خلیج فارس، میزان بالای مهاجرت در مولدین و آمیزش خویشاوندی دانستند. باید توجه داشت که در این بررسی تعدادی الل با فراوانی کم‌تر از ۰/۰۵ به دست آمد. وجود الل‌های زیاد با فراوانی پایین نشان‌دهنده تنگناهای ژنتیکی یا اثرات آمیزش خویشاوندی است (Alarcon و همکاران، ۲۰۰۴) و یا ناکافی بودن تعداد نمونه‌ها باشد. از آنجایی که ضریب آمیزش خویشاوندی نیز در مطالعه حاضر مثبت بود، بنابراین احتمال استرس وارده به جمعیت ماهی شیر (ناشی از صید بی‌رویه) وجود دارد. به طوری که نتایج بررسی‌های جمعیتی و صید ماهی شیر در جنوب ایران توسط سایر محققین نشان می‌دهد که این ماهی به شدت تحت فشار صیادی قرار دارد (فخری و همکاران، ۱۳۹۰؛ Grandcourt و همکاران، ۲۰۰۵؛ پارسامنش، ۱۳۷۹).

دامنه هتروزیگوسیتی در بررسی حاضر، ۰/۳۰۱ تا ۰/۷۲۱ به دست آمد. در مقایسه با سایر محققین، Herwerden و همکاران (۲۰۰۶)، در ماهی شیر دریای عمان با استفاده از همین ۵ جفت پرایمر، دامنه آن را ۰/۶۸۰ (H۹۶Sc) تا ۰/۹۱۷ (L۴۲Sc) اعلام کردند. عابدی و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های ماهی شیر در آب‌های شمالی خلیج فارس، دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین ۰/۸۷۵ تا ۱/۰۰۰ با میانگین ۰/۹۸۸ و دامنه هتروزیگوسیتی مورد انتظار بین ۰/۵ تا ۰/۸۰۳ با میانگین ۰/۷۰۸ گزارش کردند. Herwerden و همکاران (۲۰۰۶) بیان نمودند عدم وجود یک مانع قابل توجه برای جلوگیری از پراکنش ماهیان در محیط دریایی، به طور موثر هتروزیگوسیتی را میان جمعیت‌ها کاهش می‌دهد و این امر در مورد گونه‌های پرتحرک و مهاجر با لاروهای پلانکتونیک مانند شیر ماهی وجود دارد. در بررسی حاضر میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده ($0/571 \pm 0/01$) از متوسط هتروزیگوسیتی مشاهده شده در ماهیان دریایی ($0/79 \pm 0/26$) کم‌تر است (Avis و Dewoody، ۲۰۰۰). احتمالاً دلیل آن میزان بالای مهاجرت در ماهیان شیر بالغ خلیج فارس و دریای عمان، میزان بالای جریان ژنی در این آب‌ها و ارتباط ژنتیکی لاروهای پلاژیک با یکدیگر است. علاوه بر این، خصوصیات بوم‌شناختی خلیج فارس و دریای عمان و همچنین خصوصیات فیزیکی آن باعث همگن شدن آب و جابجایی لاروهای پلاژیک از یک منطقه به دیگر نقاط می‌شود. کاهش هتروزیگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزیگوسیتی قابل انتظار می‌تواند نشان‌دهنده وجود تنگنای ژنتیکی و کاهش تنوع ژنتیکی نیز باشد. کاهش تغییر پذیری ژنتیکی در ذخایر وحشی جمعیت‌ها به علت استرس وارده به جمعیت می‌تواند ناشی



commerson) خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای میکروستلایت. مجله علوم و فنون دریایی. دوره ۹، شماره ۴، صفحات ۸۳ تا ۹۱.

۴. Alam, S. and Islam, S., ۲۰۰۵. Population genetic structure of *Catla catla* (Hamilton) revealed by microsatellite DNA markers. *Aquaculture*. Vol. ۲۴۶, pp: ۱۵۱-۱۶۰.
۵. Alarcon, J.A.; Magoulas, A.; Georgakopoulos, T.; Zouros, E. and Alvarez, M.C., ۲۰۰۴. Genetic comparison of wild and cultivated European populations of the Gilthead Sea bream (*Sparus aurata*). *Aquaculture*. Vol. ۲۳۰, pp: ۶۵-۸۰.
۶. Al-Oufi, H.S.; Clareboudt, M.R.; McIlwain, J. and Goddard, S., ۲۰۰۴. Final Report: Stock Assessment and Biology of the Kingfish (*Scomberomorus commerson* Lace'pe'de) in the Sultanate of Oman. College of Agricultural and Marine Sciences, Department of Marine Science and Fisheries, Muscat, Oman. ۱۳۵ P.
۷. Bassam B.J.; Caetano-Anolles G. and Gressoff G.M., ۱۹۹۱. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Annual Biochemistry*. Vol. ۸۴, pp: ۶۸۰-۶۸۳.
۸. Balloux, F. and Lugon-Moulin, N., ۲۰۰۲. The estimate of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular Ecology*. Vol. ۱۱, pp: ۱۵۵-۱۶۵.
۹. Chistiakov, D.A.; Hellemans, B.; Haley, C.S.; Law, A.S.; Tsigenopoulos, C.S.; Kotoulas, G.; Bertotto, D.; Libertini, A. and Volckaert, F.A., ۲۰۰۵. A microsatellite linkage map of the European sea bass *Dicentrarchus labrax* L. *Genetics*. Vol. ۱۷۰, pp: ۱۸۲۱-۱۸۲۶.
۱۰. Collette, B.; Chang, S. K.; Di Natale, A.; Fox, W.; Juan Jorda, M.; Miyabe, N. and Nelson, R., ۲۰۱۱. *Scomberomorus commerson*. The IUCN Red List of Threatened Species ۲۰۱۱, e.T۱۷۰۳۱۶A۶۷۴۵۳۹۶.
۱۱. Collette, B.B., ۲۰۰۱. Scombridae. Tunas (also, albacore, bonitos, mackerels, seerfishes and wahoo). In: Carpenter, K.E., Niem, V. (Eds.), *FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes. The Living Marine Resources of the Western Central Pacific*, vol. ۶. Bony fishes, part ۴ (Labridae to Latimeriidae). FAO, Rome, pp: ۳۷۲۰-۳۷۵۵.
۱۲. Cui, J.Z.; Shen, X.Y.; Yang, G.P.; Gong, Q.L. and Gu, Q.Q., ۲۰۰۵. Characterization of microsatellite DNAs in *Takifugu rubripes* genome and their utilization in the genetic diversity analysis of *T. rubripes* and *T. pseudommus*. *Aquaculture*. Vol. ۲۵۰, pp: ۱۲۹-۱۳۷.
۱۳. Dewoody, J.A. and Avise, J.C., ۲۰۰۰. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *Journal of Fish biology*. Vol. ۵۶, pp: ۴۶۱-۴۷۳.

این مطالعه، به علت پلی مورفیسم بالا (ناشی از جهش) در ریزماهورها و مهاجرت این ماهی در مناطق مختلف است که به طور موثری میزان *Fst* را کاهش می دهند (Lugan و Balloux, ۲۰۰۲). به طور کلی مهاجرت زیاد از جدایی ژنتیکی جمعیت‌ها جلوگیری می کند و در ماهیان بین مقدار *Fst* و قابلیت پراکنش همبستگی منفی وجود دارد (Waples, ۱۹۸۷). گونه‌های دریایی دارای زادآوری و پراکنش بالایی هستند. این موضوع به خصوص در گونه‌های پرتحرک با لاروهای پلاژیک مانند ماهی شیر وجود دارد (Gold و همکاران, ۲۰۱۰). Shaklee و همکاران (۱۹۸۲) و Thorpe and Sol-Cave (۱۹۹۴) میزان فاصله ژنتیکی (Nei, ۱۹۷۲) برای جدایی جمعیت‌ها را به طور میانگین ۰/۳ (دامنه آن از ۰/۰۳ تا ۰/۶۱) ذکر کرده‌اند که با فاصله ژنتیکی مشاهده شده در این بررسی مطابقت دارد و نشان دهنده تمایز ژنتیکی بین گروه‌های مشاهده شده است. اگرچه هنوز به طور دقیق مشخص نشده است که این ماهی در زمان تخم‌ریزی خود به کدام منطقه مهاجرت می کند اما وجود مولدانی که بدون مهاجرت، به طور محلی در خلیج فارس و دریای عمان تخم‌ریزی می کنند به اثبات رسیده است (Collette, ۲۰۰۱؛ Dudley و همکاران, ۱۹۹۲).

بررسی حاضر، نشان می دهد که گروه‌های متمایز ژنتیکی ماهی شیر که در خلیج فارس و دریای عمان زیست می کنند. وجود ال‌های اختصاصی، *Fst* و *Rst* معنی دار، تایید کننده وجود گروه‌های ژنتیکی متمایز در مناطق نمونه برداری شده است. احتمال دارد که گروه‌های ژنتیکی دیگری از این ماهی، در منطقه وجود داشته باشد که نیازمند به مطالعه و بررسی بیشتر است.

تشکر و قدردانی

این پژوهش در آزمایشگاه تحقیقات ژنتیک مولکولی دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن انجام پذیرفت. از تمامی همکاران گرامی در آزمایشگاه تحقیقات ژنتیک مولکولی واحد تنکابن به ویژه جناب آقای دکتر ناظمی تشکر و قدردانی می گردد.

منابع

۱. پارسامنش، ا.، ۱۳۷۹. اصول ارزیابی ذخایر آبزیان موسسه تحقیقات شیلات ایران. مدیریت اطلاعات علمی و روابط بین الملل. ۱۶۴ صفحه.
۲. صادقی، ن.، ۱۳۸۰. ویژگی‌های زیستی و ریخت‌شناسی ماهیان جنوب ایران (خلیج فارس و دریای عمان). چاپ اول. انتشارات نقش مهر. ۴۳۰ صفحه.
۳. عابدی، ا.؛ ذوالقرنین، ح.؛ سالاری، م.؛ محمدی، م.؛ قاسمی، ا.؛ ارچنگی، ب. و میرزا، ر.، ۱۳۸۹. بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های شیر ماهی (*Scomberomorus*)



- studied by electrophoretic analysis of proteins. Pacific Science. Vol. ۳۶, pp: ۱۴۱-۱۵۷.
۲۶. **Thorpe, J.P. and Sole-Cava, A.M., ۱۹۹۴.** The use of allozyme electrophoresis in invertebrate systematics. Zoologica Scripta. Vol. ۲۳, pp: ۳-۱۸.
۲۷. **Waples, R.S., ۱۹۸۷.** A multispecies approach to the analysis of gene flow in marine shore fishes. Evolution. Vol. ۴۱, pp: ۳۸۵-۴۰۰.
۲۸. **Xing, S.; Xu, G.B.; Liao, X.L.; Chen, S.L. and Yang, G.P., ۲۰۰۹.** Twelve polymorphic microsatellite loci from adinucleotideen- riched genomic library of Japanese Spanish mackerel (*Scomberomorus niphonius*). Conservation Genetic. Vol. ۱۰, pp: ۱۱۶۷-۱۱۶۸.
۲۹. **Yokoyama, E.; Sakamoto, T.; Sugaya, T. and Kitada, S., ۲۰۰۶.** Six polymorphic microsatellite loci in the Japanese Spanish mackerel, *Scomberomorus niphonius*. Molecular Ecology Notes. Vol. ۶, pp: ۳۲۳-۳۲۴.
۳۰. **Zhan, A.; Hu, J.; Hu, X. and Zhou, Z., ۲۰۰۹.** Fine scale population genetic structure of Zhikong scallop (*Chlamys farreri*): Do local marine currents drive geographical differentiation? Marine Biotechnology. Vol. ۱۱, pp: ۲۲۳-۲۳۵.
۱۴. **Dudley, R.G.; Aghanashinikar, A.P. and Brothers, E.B., ۱۹۹۲.** Management of the Indo Pacific Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) in Oman. Fishery Research. Vol. ۱۵, pp: ۱۷-۴۳.
۱۵. **Excoffier, L.; Laval, G. and Schneider, S., ۲۰۰۵.** Arlequin ver. ۳.۰: An integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary Bioinformatics Online. Vol. ۱, pp: ۴۷-۵۰.
۱۶. **Georgescu, S.E.; Burcea, A.; Florescu, I.; Popa, O.G.; Dudu, A. and Costache, M., ۲۰۱۳.** Microsatellite Variation in Russian Sturgeon (*Acipenser gueldenstaedtii*) from Aquaculture. Animal Science and Biotechnologies. Vol. ۴۷, No. ۱, pp: ۷۳-۷۶.
۱۷. **Grandcourt, E.M.; Al-Abdessalaam, T.Z.; Francis, F. and Al-Shamsi, A.T., ۲۰۰۵.** Preliminary assessment of the biology and fishery for the narrow-barred Spanish mackerel, *Scomberomorus commerson* (Lacépède, ۱۸۰۰), in the southern Arabian Gulf. Fisheries Research. Vol. ۷۶, pp: ۲۷۷-۲۹۰.
۱۸. **Gold, J.R.; Jobity, A.M.C.; Saillant, E. and Renshaw, M.A., ۲۰۱۰.** Population structure of carite (*Scomberomorus brasiliensis*) in waters offshore of Trinidad and northern Venezuela. Fisheries Research. Vol. ۱۰۳, pp: ۳۰-۳۹.
۱۹. **Herwerden, L.V.; Mcilwain, J.; Al-Oufib, H.; Al-Amry, W. and Reyes, A., ۲۰۰۶.** Development and application of microsatellite markers for *Scomberomorus commerson* (Perciformes, Teleostei) to population genetic study of Arabian Peninsula stocks. Fisheries Research. Vol. ۷۹, pp: ۲۵۸-۲۶۶.
۲۰. **Lin, L.; Zhu, L.; Liu, S.F.; Tang, Q.S.; Su, Y.Q. and Zhuang, Z.M., ۲۰۱۲.** Polymorphic microsatellite loci for Japanese Spanish mackerel (*Scomberomorus niphonius*). Genetics and Molecular Research. Vol. ۱۱, No.۲, pp: ۱۲۰۵-۱۲۰۸.
۲۱. **Nei, M., ۱۹۷۲.** Genetic distance between populations. American Naturalist. Vol. ۱۰۶, pp: ۲۸۳-۲۹۲.
۲۲. **Peakall, R. and Smouse, P.E., ۲۰۰۶.** GENALEX ۶: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes. Vol. ۶, pp: ۲۸۸-۲۹۵.
۲۳. **Pourang, N.; Nikouyan, A. and Dennis, J.H., ۲۰۰۵.** Trace element concentration in fish, sediments and water from northern part of the Persian Gulf. Environmental monitoring and assessment. Vol. ۱۰۹, pp: ۲۹۳-۳۱۶.
۲۴. **Renshaw, M.A.; Douglas, K.C.; Rexroad C.A.; Jobity, A.M.C. and Gold, J.R., ۲۰۰۸.** Isolation and characterization of microsatellite markers in the Serra Spanish mackerel, *Scomberomorus brasiliensis*. Permanent Genetic Resources Note. pp: ۸۳۵-۸۳۸.
۲۵. **Shaklee, J.B.; Tamaru, C.S. and Waples, R.S., ۱۹۸۲.** Speciation and evolution of marine fishes

