



دانشگاه گنبد کاووس

نشریه "پژوهش‌های ماهی‌شناسی کاربردی"

دوره هفتم، شماره دوم، تابستان ۹۸

<http://jair.gonbad.ac.ir>

ساختار جمعیتی ماهی شانگ زردباله (*Acanthopagrus latus* (Houttuyn, 1782) در

بخش شمال خلیج فارس با استفاده از نشانگر ریزماهوره

سیداحمد قاسمی^{*}، مهدی محمدی^۱، علی فخری^۲

^۱استادیار، گروه زیست‌فناوری پژوهشکده خلیج فارس، دانشگاه خلیج فارس، بوشهر، ایران

^۲آکارشناس، گروه شیلات، پژوهشکده خلیج فارس، دانشگاه خلیج فارس، بوشهر، ایران

تاریخ ارسال: ۹۶/۶/۱۹؛ تاریخ پذیرش: ۹۶/۸/۷

چکیده

شانگ زردباله (*A. latus*) متعلق به خانواده شانگ‌ماهیان و یکی از ماهیان اقتصادی و بازار پسند خلیج فارس است. در این تحقیق با استفاده از ۸ جایگاه ریزماهوره، ساختار جمعیتی و میزان تنوع ژنتیکی این گونه در ۶ منطقه صیادی در خلیج فارس شامل بندر دیر، بندر بوشهر، گناوه، هندبجان و خورموسی بررسی شد. تعداد آلل‌های مشاهده شده در جایگاه‌های مختلف بین ۷ تا ۱۲ عدد با میانگین ۹/۹ آلل برای هر جایگاه بود که نسبت به آلل‌های به‌دست آمده جمعیت‌های این گونه در نقاط دیگر پایین‌تر بود. از ۴۸ جایگاه مورد بررسی ۲۱ جایگاه در تعادل هاردی واینبرگ بود. میزان هتروزایگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به ترتیب ۰/۷۷ و ۰/۸۸ محاسبه گردید. بر این اساس تنوع ژنتیکی در جمعیت دیر بیش از سایر مناطق مشاهده شد. آنالیز واریانس مولکولی نشان داد که ۹۳٪ از میزان اختلاف ژنتیکی در درون جمعیت‌ها و ۷٪ اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌ها می‌باشد. اگر چه میزان شاخص‌های F_{st} و R_{st} کم است اما اختلاف معنی‌داری بین جمعیت‌های دیر، بوشهر و خورموسی وجود دارد. همچنین بر اساس فاصله ژنتیکی و PCA جمعیت‌های خورموسی و دیر قابل تمایز می‌باشند. جریان ژنی بالایی بین جمعیت‌ها وجود دارد که احتمالاً ناشی از جابجایی لاروها از طریق جریان‌های آبی می‌باشد. به‌طور کلی سه جمعیت خورموسی، دیر و بوشهر قابل تفکیک می‌باشند که جمعیت بوشهر دارای زیر جمعیت‌های گناوه و دلوار می‌باشد. این نتایج می‌توانند برای مدیریت ژنتیکی جمعیت‌های ماهی شانگ و تشکیل گله‌های پرورشی و همچنین در نظارت بر تغییرات تنوع ژنتیکی در آینده مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: *A. latus*، ریزماهوره، تنوع ژنتیکی، ژنتیک جمعیت، خلیج فارس

*نویسنده مسئول: aqasemi@gmail.com

مقدمه

ماهی شانک زردباله (*A. latus*) متعلق به خانواده شانک ماهیان (Sparidae) بوده و مانند گونه‌های دیگر این خانواده، یک ماهی هرمافرودیت پیش نر (*protandrus*) می‌باشد. این گونه یکی از ماهیان تجاری در خلیج فارس و دریای عمان است. با این حال، جمعیت آن در خلیج فارس به دلیل صید بی‌رویه و فعالیت‌های انسانی کاهش سریعی داشته است. وضعیت ذخایر این گونه در آب‌های استرالیا نیز در حال کاهش می‌باشد. به‌طوری‌که شیلات استرالیا تعداد مجوزهای ماهیگیری تجاری برای آن را محدود کرده است (Shaw, 2000; Hesp *et al.*, 2004). همچنین در دریای چین جمعیت ماهی شانک زردباله و گونه‌های دیگر خانواده شانک ماهیان به‌طور جدی در طول ۲۰ سال گذشته کاهش چشمگیری یافته‌است (Chen and Qin, 2003; Ye *et al.*, 2004; Xia *et al.*, 2005). ماهی شانک زردباله ساکن آب‌های کم‌عمق و گرم و ساحلی است. اغلب وارد دهانه رودخانه و مصب‌ها می‌شود (Buxton and Garratt, 1990; Li and Ou, 2000) و به‌طور گسترده‌ای از خلیج فارس تا هند، چین، ژاپن، استرالیا و در مناطق مختلف پراکنش دارد (Hesp *et al.*, 2004).

تکنیک‌های ژنتیک مولکولی به‌عنوان ابزاری مدرن، توانایی شناسایی و تعیین ساختار ذخایر ماهیان را دارد (Magoulas, 2004). امروزه نشانگرهای ژنتیکی به‌صورت موفقیت‌آمیزی جهت تعیین ساختار ذخایر ماهیان و ایجاد ارتباط میان جمعیت‌های ماهیان استفاده می‌شود (Van Herwerden *et al.*, 2006). در میان نشانگرهای مختلف DNA رایج در بررسی تنوع ژنتیکی در سطح مولکولی، نشانگر ریزماهواره اطلاعات مفیدتر و چند شکلی بیشتری ارائه می‌نماید. به‌علت سطح بالای چندشکلی، میزان بالای جهش، هم‌پارزی، تعداد زیاد و پراکنش بالای ژنومی و آنالیز ساده محصول واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR)، میکروستلایت‌ها نشانگرهای مناسبی جهت مطالعات اکولوژیک و جمعیتی هستند (Li and Ou, 2000). نشانگرهای میکروستلایت جهت مطالعه ژنتیک جمعیت ماهیان شانک در ژاپن، چین و تایوان در چندین گزارش به‌کار برده شده است (Syazni *et al.*, 2015). این مطالعات نشان داده‌اند که این گونه دارای تنوع ژنتیکی بالایی بوده است. سیازنی و همکاران (Syazni *et al.*, 2015) دلیل عدم وجود جمعیت‌های متفاوت ماهی شانک زردباله در شرق ژاپن را جریان بالای ژن عنوان کردند. اما ژیا و همکاران (Xia *et al.*, 2008) با مطالعه ژنوم میتوکندریایی، جمعیت‌های متفاوتی از این گونه را در آب‌های چین شناسایی کردند.

تاکنون مطالعه‌ای در زمینه جمعیت‌های ماهی شانک زردباله در آب‌های خلیج فارس و دریای عمان گزارش نشده است. این تحقیق با هدف شناسایی ساختار ژنتیکی ماهی شانک زردباله در خلیج فارس صورت گرفت تا در صورت امکان جمعیت‌های احتمالی و میزان تنوع ژنتیکی و درون گونه‌ای ماهی شانک مورد بررسی قرار گیرد. بدین منظور در این مطالعه از شش منطقه جغرافیایی در آب‌های ساحلی

خلیج فارس (ایران) نمونه‌های ماهی شانک زردباله جمع‌آوری شده و نمونه‌ها با استفاده از ۸ جایگاه اختصاصی میکروستلایتی برای تعیین ژنتیک جمعیت ماهی شانک زردباله مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج حاصل از این تحقیق می‌تواند اطلاعات عمومی مورد نیاز برای حفاظت و مدیریت این گونه در منطقه را فراهم کند.

مواد و روش‌ها

از ۱۲۰ عدد ماهی شانک زردباله صیدشده توسط قایق‌های صیادی صیدگاه‌های بندر دیر و عسلویه (۳۰ نمونه)، بندر بوشهر (۳۰ نمونه)، گناوه (۳۰)، هندیجان (۳۰) و خورموسی (۳۰ نمونه) از زمستان ۸۹ تا بهار ۱۳۹۰ نمونه‌برداری شد (شکل ۱). از هر ماهی به میزان دو تا سه گرم از بافت نرم باله دمی در الکل ۹۰ درصد تثبیت گردید.



شکل ۱- موقعیت مناطق نمونه‌برداری شده از ماهی شانک زردباله (*A. latus*) در آب‌های ایرانی خلیج فارس

استخراج DNA از نمونه‌های جمع‌آوری شده طبق روش CTAB (Jafari et al., 2011) انجام گرفت. به این منظور ۵۰ تا ۸۰ میلی‌گرم بافت باله در ۶۳۰ میکرولیتر از محلول CTAB یک درصد به همراه ۷۰ میکرولیتر SDS یک درصد به مدت ۴ ساعت هضم گردید. سپس به هر نمونه ۲۴۰ میکرولیتر نمک (NaCl) ۵ مولار اضافه و به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد انکوبه شدند. پس از سرد کردن نمونه‌ها، به هر ویال ۲۵۰ میکرولیتر کلروفرم-ایزوامیل الکل اضافه گردید. نمونه‌ها در ۱۳۰۰۰ دور سانتریفوژ شدند و محلول روئی به میزان ۷۰۰ میکرولیتر جداسازی گردید. به دنبال آن جهت رسوب DNA از الکل اتانول مطلق و برای شستشوی الکل اتانول ۷۰ درصد استفاده شد. کیفیت DNA نمونه‌ها با استفاده از روش الکتروفورزر ژل آگارز ۰/۸ درصد در بافر TAE تعیین گردید و کمیت

آنها توسط روش اسپکتروفتومتری در طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر سنجیده شد و تمام نمونه‌های در حد ۱۰۰ نانوگرم در میکرولیتر رقیق گردیدند.

در این تحقیق تعداد ۸ جفت آغازگر اختصاصی ریزماهواره ماهی شانک زردباله براساس مطالعه ژیا و همکاران (Xia *et al.*, 2006) انتخاب و پس از سنتز پرایمرها توسط شرکت متابیون آلمان، مورد استفاده قرار گرفتند (جدول ۱). واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرز برای نمونه‌ها در حجم ۱۲/۵ میکرولیتر با شرایط ۲ میلی‌مولار کلرید منیزیم، ۲۰۰ میکرومولار dNTPs، ۱ واحد TaqDNA Polymerase و ۱۰ پیکومول از هر پرایمر و ۱۰۰ نانوگرم DNA ژنومی انجام شد. برنامه گرمایی PCR (دستگاه ترموسایکلر - شرکت اپندرف) شامل یک چرخه واسرشت‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳ دقیقه و سپس تعداد ۳۰ چرخه شامل واسرشت‌سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها به رشته DNA، بسته به نوع آغازگر (جدول ۱) 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 پلی‌اکریل‌آمید ۸ درصد با شدت جریان ۱۵۰ میلی‌آمپر به مدت ۲/۵ ساعت الکتروفورز شدند و جهت نمایان کردن قطعات DNA در ژل، از رنگ آمیزی به روش نیترا نقره استفاده گردید.

جدول ۱- خصوصیات آغازگرهای اختصاصی ماهی شانک زردباله (*A. latus*)

Locus	Repeat motif	Primer sequences (5'-3')	R (bp)	T _a (°C)	Accession no.
S15	(GT) ₂₀	F: GCGGGAAAACATGTCATT R: AATTGAAGGGTGAGGGGTCA	145-158	58	DQ222444
S16	(CA) ₂₁	F: GAGCAGAGCAGCGGACATC R: TGCATGTTTATGTACCGCATAAC	180-250	58	DQ222445
S18	(GT) ₁₉	F: CGTTTCACTGGAAAACACC R: TCTGTGACAGGATGCTGACTTA	210-260	58	DQ222446
S19a	(CA) ₂₀	F: GATATAATAGAGGGTTGACA R: CACTGAGCGCTTGCTT	250-268	58	DQ222447
S30	(CA) ₃₈	F: GCGCTTTATTGTTCTGGGTTAC R: GAATAGACTGGTGAGCGGTCA	196-230	58	DQ222448
S32	(GT) ₂₀	F: GCCAGCGCACTGTGTTGTTATT R: GCGCTGAAGCTCCGTTACTTTA	175-231	58	DQ222449
S34	(GT) ₃₀	F: GAAGGATAGAGGAGGTGTGG R: ATCACATGCACACGCAGAC	156-190	58	DQ222450
S35a	(GT) ₂₀	F: CGCATAATGTTACAAGTCAC R: CGGACATCATTATGATTCTA	160-192	58	DQ222451

پس از عکس‌برداری از ژل‌ها، الگوی نواری به دست آمده از برای هر نمونه و هر آغازگر برحسب وزن مولکولی آلال‌ها با اعداد توسط نرم‌افزار Quantity One (BioRad) امتیازدهی شدند. برای آنالیز آماری

ابتدا با استفاده از نرم‌افزار (Micro Checker version 2.2.3-Van Oosterhout *et al.*, 2004) تست آل‌های نول انجام گرفت. ماتریکس آل‌های به‌دست آمده در فرمت Excel وارد و با استفاده از نرم‌افزار RATE به فرمت نرم‌افزارهای (GENEPOP- Goudet, 1995)، (FSTAT 2.9.4- Rousset, 2008) و (Arlequin 3.5- Excoffier and Lischer, 2010) در آمد. پارامترهای تنوع ژنتیکی شامل: تعداد آل‌ها، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار، تعداد آل مؤثر در هر لوکوس و در هر جمعیت با نرم‌افزار GenAlex6.4 محاسبه گردید. انحراف از تعادل هاردی واینبرگ با نرم‌افزار Genepop 4.0 و شاخص F_{is} و غنای آلی در نرم‌افزار FSTAT 2.9.4 محاسبه شد.

برای محاسبه میزان اختلاف ژنتیکی بین مناطق نمونه برداری از شاخص F_{st} استفاده گردید. تست AMOVA برای محاسبه F_{st} استفاده می‌گردد که ساختار جمعیت‌ها را در سطوح مختلف شامل بین گروه، بین جمعیت‌های درون یک گروه و بین جمعیت‌ها بررسی می‌نماید. بدین منظور جمعیت‌هایی که از نظر F_{st} اختلافی را باهم نشان نمی‌دهند در یک گروه قرار داده شدند. این آنالیز با نرم‌افزار Arlequin و GenAlex6.4 با ۱۰۰۰۰ بار شبیه‌سازی انجام گرفت. آنالیز PCA (Principal coordinate analysis) در نرم‌افزار GenAlex 6.4 با استفاده از ماتریس اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌ها ترسیم گردید. اختلاف ژنتیکی در نرم‌افزار GenAlex محاسبه گردید و دندروگرام پیوند همجواری با نرم‌افزار (MEGA6- Kumar *et al.*, 2013) ترسیم گردید.

نتایج

تمامی ۸ جفت پرایمر مورد استفاده در این پژوهش پلی‌مورف بوده و در تمامی لوکوس‌ها حداقل دو باند را نشان دادند. براساس نتایج به‌دست آمده در این بررسی مجموعاً ۷۹ آل پلی‌مورف در هشت لوکوس میکروستلایتی با میانگین ۹/۸ آل برای هر لوکوس شناسایی شد. لوکوس‌های S34 با ۱۲ آل بیشترین تعداد آل را داشت و لوکوس S32 با ۷ آل کمترین تعداد آل پلی‌مورفیسم را نشان داد. چهار آل اختصاصی، آل شماره ۹ در لوکوس SA30 مربوط به منطقه دیر، آل شماره ۶ در لوکوس S16 مربوط به منطقه دیر، آل شماره ۵ و ۶ در لوکوس S18 مربوط به منطقه دیر شناسایی شد. در این مطالعه دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین ۰/۸۶ تا ۰/۹۱ با میانگین ۰/۸۸ و دامنه هتروزیگوسیتی مورد انتظار بین ۰/۷۵ تا ۰/۸۵ با میانگین ۰/۷۷ محاسبه گردید. در تمامی لوکوس‌ها مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o) بیشتر از هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_e) محاسبه شد (جدول ۲). اختلاف معنی‌داری در میزان H_o و H_e بین جمعیت‌های خورموسی، گناوه، بوشهر، دلوار و هندیدجان مشاهده نشد. اما میزان H_o و H_e در منطقه دیر با سایر نقاط نمونه‌گیری دارای اختلاف معنی‌دار بود. شاخص شانون در جمعیت دیر به‌طور معنی‌داری بیشتر از سایر جمعیت‌ها بود. میانگین شاخص شانون

۱/۷ به دست آمد. در مقایسه بین جمعیت‌ها حداکثر تعداد آلل در ۸ جایگاه مورد بررسی ۹/۵۲ در جمعیت دیر با ۶/۷ آلل مؤثر بود و کمترین میزان آلل در جمعیت خورموسی با ۶/۵ آلل مؤثر ۳/۹۵ برای تمام جایگاه‌ها محاسبه گردید. از نظر تعداد آلل مؤثر و آلل واقعی در جمعیت‌های خورموسی، هندیدجان، بوشهر و گناوه اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد.

در بررسی تعادل هاردی-واینبرگ در لوکوس‌های مختلف، لوکوس‌ها S18، S32 و S35a در تمام جمعیت‌ها و به‌طور کلی در تعادل هاری-واینبرگ بودند. سایر جایگاه‌ها عدم تعادل را در تمام جمعیت‌ها نشان دادند. همچنین هیچکدام از ۸ لوکوس عدم تعادل پیوستگی را نشان ندادند.

جدول ۲- پارامترهای تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های شانک زردباله (*A. latus*)

انحراف معیار	میانگین	۱۵S	۳۰S	۱۶S	۱۸S	a۱۹S	۳۴S	۳۲S	a۳۵S	شاخص	جمعیت
۰/۳	۲۹/۸	۳۰/۰	۲۸/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	N	خورموسی
۰/۴۶	۶/۵۰	۸/۰۰	۸/۰۰	۵/۰۰	۸/۰۰	۶/۰۰	۵/۰۰	۶/۰۰	۶/۰۰	Na	
۰/۳۴	۴/۴۲	۵/۱۱	۵/۶۰	۲/۸۷	۳/۶۷	۴/۹۳	۴/۵۶	۳/۵۲	۵/۰۷	Ne	
۰/۰۷	۱/۶۰	۱/۷۹	۱/۸۷	۱/۳۱	۱/۵۷	۱/۶۶	۱/۵۶	۱/۴۳	۱/۶۹	I	
۰/۰۴	۰/۹۱	۰/۸۷	۰/۹۳	۱/۰۰	۰/۷۳	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۷۷	۰/۹۷	Ho	
۰/۰۲	۰/۷۶	۰/۸۰	۰/۸۲	۰/۶۵	۰/۷۳	۰/۸۰	۰/۷۸	۰/۷۲	۰/۸۰	He	
۰/۰۶	-۰/۲۰	-۰/۰۸	-۰/۱۳	-۰/۵۴	-۰/۰۱	-۰/۲۵	-۰/۲۸	-۰/۰۷	-۰/۲۰	F	
		***	***	***	ns	***	***	ns	ns	HWE	
۰/۱	۲۹/۹	۳۰/۰	۲۹/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	N	هندیدجان
۰/۵۳	۸/۰۰	۹/۰۰	۹/۰۰	۸/۰۰	۹/۰۰	۷/۰۰	۱۰/۰۰	۶/۰۰	۶/۰۰	Na	
۰/۶۶	۴/۹۰	۶/۲۹	۵/۵۹	۳/۰۲	۵/۱۷	۴/۶۲	۸/۲۹	۲/۸۸	۳/۳۰	Ne	
۰/۱۲	۱/۷۱	۲/۰۰	۱/۸۸	۱/۳۸	۱/۸۵	۱/۶۷	۲/۲۰	۱/۳۹	۱/۳۸	I	
۰/۰۵	۰/۸۶	۰/۸۷	۰/۹۳	۱/۰۰	۰/۹۳	۰/۹۰	۰/۷۰	۰/۵۷	۰/۹۷	Ho	
۰/۰۳	۰/۷۷	۰/۸۴	۰/۸۲	۰/۶۷	۰/۸۱	۰/۷۸	۰/۸۸	۰/۶۵	۰/۷۰	He	
۰/۰۸	-۰/۱۳	-۰/۰۳	-۰/۱۳	-۰/۵۰	-۰/۱۶	-۰/۱۵	۰/۲۰	-۰/۱۳	-۰/۳۹	F	
		***	***	***	ns	ns	***	ns	ns	HWE	
۰/۱	۲۹/۹	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۲۹/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	N	گناوه
۰/۵۶	۷/۳۸	۹/۰۰	۸/۰۰	۵/۰۰	۹/۰۰	۷/۰۰	۹/۰۰	۶/۰۰	۶/۰۰	Na	
۰/۵۱	۴/۸۸	۶/۷۹	۵/۴۹	۳/۵۷	۵/۵۲	۵/۱۳	۶/۳۲	۲/۹۴	۳/۳۰	Ne	
۰/۱۱	۱/۷۰	۲/۰۵	۱/۸۲	۱/۴۰	۱/۸۹	۱/۷۴	۲/۰۱	۱/۳۷	۱/۳۸	I	
۰/۰۷	۰/۸۷	۰/۹۰	۰/۹۳	۱/۰۰	۰/۹۷	۱/۰۰	۰/۷۶	۰/۴۰	۰/۹۷	Ho	
۰/۰۳	۰/۷۸	۰/۸۵	۰/۸۲	۰/۷۲	۰/۸۲	۰/۸۱	۰/۸۴	۰/۶۶	۰/۷۰	He	
۰/۰۹	۰/۱۱-	۰/۰۶-	۰/۱۴-	۰/۳۹-	۰/۱۸-	۰/۲۴-	۰/۱۰	۰/۳۹	۰/۳۹-	F	
		**	***	***	ns	**	***	ns	ns	HWE	

ساختار جمعیتی ماهی شانک زردباله (*A. latus*) در بخش شمال خلیج فارس...

۰/۱	۲۹/۹	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۲۹/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	N	
۰/۹۴	۷/۳۸	۸/۰۰	۸/۰۰	۵/۰۰	۱۰/۰۰	۹/۰۰	۱۰/۰۰	۶/۰۰	۶/۰۰	Na	
۰/۵۸	۴/۹۶	۵/۵۲	۵/۷۹	۴/۰۰	۶/۴۱	۴/۷۵	۷/۱۶	۳/۶۹	۴/۴۰	Ne	
۰/۱۶	۱/۶۹	۱/۸۸	۱/۸۷	۰/۶۹	۲/۰۶	۱/۷۹	۲/۱۱	۱/۵۰	۱/۵۹	I	بوشهر
۰/۰۸	۰/۸۷	۰/۹۳	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۷۳	۰/۹۷	۰/۹۳	۰/۳۷	۱/۰۰	Ho	
۰/۰۴	۰/۷۷	۰/۸۲	۰/۸۳	۰/۵۰	۰/۸۴	۰/۷۹	۰/۸۶	۰/۷۳	۰/۷۷	He	
۰/۱۵	-۰/۱۷	-۰/۱۴	-۰/۲۱	-۱/۰۰	۰/۱۳	-۰/۲۲	-۰/۰۸	۰/۵۰	-۰/۲۹	F	
		**	***	***	ns	***	**	***	ns	HWE	
۰/۱	۱۹/۹	۲۰/۰	۲۰/۰	۲۰/۰	۲۰/۰	۲۰/۰	۱۹/۰	۲۰/۰	۲۰/۰	N	
۰/۸۵	۶/۸۸	۷/۰۰	۷/۰۰	۵/۰۰	۹/۰۰	۸/۰۰	۱۰/۰۰	۶/۰۰	۶/۰۰	Na	
۰/۶۸	۴/۷۵	۳/۳۶	۵/۵۶	۴/۳۲	۷/۲۱	۴/۷۹	۷/۴۴	۴/۳۷	۳/۲۵	Ne	
۰/۱۶	۱/۶۱	۱/۴۶	۱/۸۲	۰/۶۹	۲/۰۸	۱/۷۵	۲/۱۳	۱/۶۱	۱/۳۶	I	دلوار
۰/۰۶	۰/۸۹	۰/۹۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۷۵	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۵۰	۱/۰۰	Ho	
۰/۰۴	۰/۷۵	۰/۷۰	۰/۸۲	۰/۵۰	۰/۸۶	۰/۷۹	۰/۸۷	۰/۷۷	۰/۶۹	He	
۰/۱۴	-۰/۲۴	-۰/۲۸	-۰/۲۲	-۱/۰۰	۰/۱۳	-۰/۲۶	-۰/۱۶	۰/۳۵	-۰/۴۴	F	
		***	***	***	ns	**	***	ns	ns	HWE	
۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	۳۰/۰	N	
۰/۶۳	۹/۵۰	۹/۰۰	۱۱/۰۰	۹/۰۰	۱۱/۰۰	۱۱/۰۰	۱۱/۰۰	۷/۰۰	۷/۰۰	Na	
۰/۳۴	۶/۷۸	۶/۶۲	۶/۲۳	۶/۴۷	۸/۰۴	۷/۷۹	۷/۶۹	۵/۲۳	۶/۱۹	Ne	
۰/۰۵	۲/۰۴	۲/۰۳	۲/۰۶	۱/۹۸	۲/۲۱	۲/۱۹	۲/۱۶	۱/۷۹	۱/۸۸	I	دیر و عسلویه
۰/۰۴	۰/۹۰	۰/۹۰	۱/۰۰	۰/۹۳	۰/۹۳	۰/۹۷	۰/۹۷	۰/۶۷	۰/۸۷	Ho	
۰/۰۱	۰/۸۵	۰/۸۵	۰/۸۴	۰/۸۵	۰/۸۸	۰/۸۷	۰/۸۷	۰/۸۱	۰/۸۴	He	
۰/۰۴	-۰/۰۶	-۰/۰۶	-۰/۱۹	-۰/۱۰	-۰/۰۷	-۰/۱۱	-۰/۱۱	۰/۱۸	-۰/۰۳	F	
		***	***	**	ns	ns	ns	ns	ns	HWE	

در این مطالعه براساس شاخص نئی (Nei, 1972) بیشترین فاصله ژنتیکی و کمترین شباهت ژنتیکی بین جمعیت‌های خورموسی و دیر به ترتیب با ۰/۲۳ و ۰/۷۹ و کمترین فاصله ژنتیکی و بیشترین شباهت ژنتیک بین جمعیت‌های بوشهر و دلوار به ترتیب با ۰/۰۶ و ۰/۹۵ محاسبه گردید. آنالیز PCA براساس فاصله ژنتیکی و شباهت ژنتیکی نشان داد که جمعیت‌ها گناوه، بوشهر و دلوار در ارتباط نزدیک با یکدیگر و هنديجان و خورموسی شباهت بالایی را نشان می‌دهند. جمعیت دیر به‌طور کلی در فاصله دورتر از جمعیت‌های مناطق دیگر قرار دارد و جمعیتی جدا را نشان می‌دهد (شکل ۲).

جدول ۳- شاخص‌های تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف ماهی شانک زردباله (*A. latus*) در خلیج فارس

p	Rst	Fst	Nm	Nei I	Nei D	جمعیت	جمعیت
۰/۰۱۱	۰/۰۷	۰/۰۲	۱۶/۱۰	۰/۹۰	۰/۱۱	هندیجان	خورموسی
۰/۰۱۱	۰/۱۵	۰/۰۲	۱۰/۲۶	۰/۸۷	۰/۱۴	گناوه	خورموسی
۰/۴۱۵	۰/۰۱	۰/۰۰	۳۰/۴۱	۰/۹۵	۰/۰۵	گناوه	هندیجان
۰/۰۴۲	۰/۱۸	۰/۰۲	۱۰/۷۳	۰/۸۸	۰/۱۳	بوشهر	خورموسی
۰/۰۳۱	۰/۰۶	۰/۰۱	۲۵/۶۷	۰/۹۲	۰/۰۹	بوشهر	هندیجان
۰/۰۵۹	۰/۰۴	۰/۰۱	۳۰/۱۷	۰/۹۲	۰/۰۸	بوشهر	گناوه
۰/۰۰۳	۰/۲۱	۰/۰۳	۸/۲۰	۰/۸۵	۰/۱۶	دلوار	خورموسی
۰/۰۴۵	۰/۱۱	۰/۰۱	۲۱/۳۳	۰/۹۰	۰/۱۰	دلوار	هندیجان
۰/۰۵۱	۰/۰۹	۰/۰۱	۲۲/۷۷	۰/۹۰	۰/۱۰	دلوار	گناوه
۰/۴۳۴	۰/۰۰	۰/۰۰	۵۶/۰۲	۰/۹۷	۰/۰۳	دلوار	بوشهر
۰/۰۰۱	۰/۲۰	۰/۰۴	۶/۵۱	۰/۸۰	۰/۲۳	دیر	خورموسی
۰/۰۰۱	۰/۱۰	۰/۰۳	۷/۲۳	۰/۸۰	۰/۲۲	دیر	هندیجان
۰/۰۰۱	۰/۱۲	۰/۰۳	۹/۱۰	۰/۸۳	۰/۱۹	دیر	گناوه
۰/۰۰۱	۰/۰۴	۰/۰۳	۸/۰۷	۰/۸۲	۰/۲۰	دیر	بوشهر
۰/۰۰۱	۰/۰۵	۰/۰۴	۶/۶۷	۰/۷۹	۰/۲۳	دیر	دلوار

در آزمون AMOVA شاخص F_{st} و R_{st} برای تمایز جمعیت‌های مختلف به صورت دو به دو محاسبه شد بر این اساس بیشترین میزان F_{st} میان جمعیت‌های دیر و خورموسی و بوشهر با ۰/۰۵۷ و کمترین میزان F_{st} میان جمعیت‌های دلوار و بوشهر به میزان ۰/۰۱ به دست آمد. همچنین برای پارامتر R_{st} بیشترین میزان R_{st} میان جمعیت دلوار و خورموسی (۰/۰۲۵) و کمترین میزان شاخص R_{st} بین جمعیت دلوار و بوشهر بود. حداکثر میزان مهاجرت ($N_m=۵۶/۰۲$) بین جمعیت‌های دلوار و بوشهر و کمترین میزان مهاجرت ($N_m=۶/۵۱$) بین جمعیت‌ها دیر و خورموسی محاسبه گردید (جدول ۳). براساس آنالیز واریانس مولکولی دو شاخص F_{st} و R_{st} ، بین جمعیت‌های گناوه، بوشهر و دلوار اختلاف معنی‌داری وجود ندارد. بین جمعیت‌های هندیجان و خورموسی در سطح ۰/۰۵ اختلاف معنی‌دار می‌باشد. جمعیت دیر و خورموسی باهم دارای اختلاف ژنتیکی معنی‌دار بودند. همچنین این جمعیت‌ها با سایر جمعیت‌ها اختلاف ژنتیکی معنی‌داری را نشان می‌دهند ($p < 0.01$) (جدول ۳).

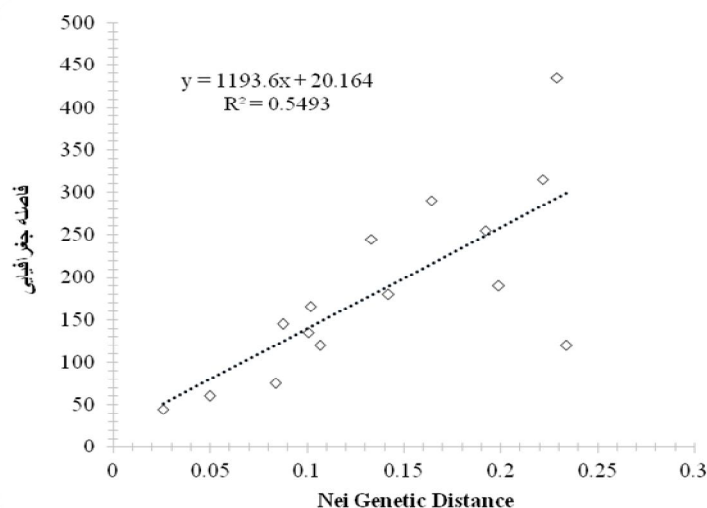
اختلاف تنوع ژنتیکی براساس سلسله مراتب جمعیتی، ۶ جمعیت و ۴ منطقه براساس آزمون AMOVA در سطح احتمال ۰/۰۱ بر اساس F_{st} و R_{st} محاسبه گردید. بر این اساس بیشترین درصد اختلاف ۰/۸۹ بین افراد گونه می‌باشد و کمترین درصد اختلاف ژنتیکی ۰/۰۴ به تفاوت میان جمعیت‌های در مناطق فرض شده بود. اختلاف میان جمعیت‌ها نیز به میزان ۰/۰۷ محاسبه گردید (جدول ۴).

ساختار جمعیتی ماهی شانک زردباله (*A. latus*) در بخش شمال خلیج فارس...

جدول ۴- شاخص R_{st} , F_{st} بین جمعیت‌ها و گروه‌های ماهی شانک زردباله (*A. latus*) بر اساس آزمون AMOVA

اختلاف واریانس	df	SS	MS	Est. Var.	درصد
بین گروه‌ها	۳	۵۲۳/۲۵	۱۷۴/۴۱	۱/۸۸۰	۷٪
بین جمعیت‌های درون گروه‌ها	۲	۵۴/۸۴	۲۷/۴۲	۰/۱۵۰	۴٪
بین افراد	۱۷۰	۲۱۰۵	۱۲/۳۸	۱۲/۳۸	۸۹٪
بین گروه‌ها	۳	۲۸/۴۷	۹/۵	۰/۰۳	۶٪
بین جمعیت‌های درون گروه‌ها	۲	۶/۸۷	۱/۹	۰/۰	۰٪
بین تمام افراد	۱۷۰	۵۹۷	۳/۵۱	۳/۵۱	۹۴٪
کل	۳۳۹	۵۸۹۱/۶		۱۸/۰۰	۱۰۰٪

آزمون منتل براساس فاصله ژنتیکی و فاصله جغرافیایی بین جمعیت‌ها نشان می‌دهد که همبستگی بین فاصله جغرافیایی و اختلاف ژنتیکی وجود دارد. میزان R نشان‌دهنده میزان متوسطی از همبستگی دارد (شکل ۲).



شکل ۲- آنالیز مانتیل برای جمعیت‌های ماهی شانک زردباله (*A. latus*) در خلیج فارس

بحث و نتیجه‌گیری

یکی از ساده‌ترین ابزار برای بررسی تنوع ژنتیکی در یک جایگاه، محاسبه فراوانی آلل‌ها است (Kalinowski, 2004). به‌طور کلی متوسط تعداد آلل در هر لوکوس در ماهیان آب شور ۲۰/۶ آلل است (Dewoddy and Avise, 2000). در این تحقیق متوسط تعداد آلل مشاهده شده در جایگاه‌های مختلف ۱۰ آلل بود که نسبت به متوسط آلل در ماهیان دریایی پایین‌تر است. تعداد آلل واقعی در ماهی شانک

زردباله در مطالعه سیازنی و همکاران (Syazni *et al.*, 2015) از ۲۲ تا ۴۷ عدد گزارش شد. اگر چه لوکوس‌های مورد بررسی در این مطالعه متفاوت بوده، اما تعداد آلل به‌دست آمده در همین جایگاه‌ها (Xia *et al.*, 2006) نیز بیشتر گزارش شده است. تعداد آلل در گونه‌های خانواده شانک ماهیان بسیار متفاوت گزارش شده است. در ماهی *Pagrus major* تعداد ۴۷ آلل در سه لوکوس در ۸ جمعیت در جنوب غرب ژاپن به‌دست آمده است (Perez-Enriquez and Taniguchi, 1999). در حالی که بین ۱۵ تا ۳۲ آلل در جمعیت‌های غرب ژاپن برای همین گونه گزارش شده است (Perez-Enriquez *et al.*, 2001). در ماهی شانک سیاه تعداد ۶ تا ۲۱ آلل در جایگاه‌های میکروستلایتی برای جمعیت‌های ژاپن و کره گزارش شده است (Jeong *et al.*, 2003) در حالی که در همین گونه در خلیج هیروشیما تعداد ۷ تا ۲۴ آلل به‌دست آمده است (Gonzalez and Umino, 2009). به‌طور کلی جمعیت شانک زردباله خلیج فارس نسبت به سایر نقاط و نسبت به گونه‌های هم‌جنس خود تعداد آلل کمتری را در جایگاه‌های میکروستلایتی نشان می‌دهد. این می‌تواند به‌دلیل بسته بودن خلیج فارس و جریان‌های دریایی کم جمعیت‌های این گونه در خلیج فارس و محدودیت تبادل ژنی با سایر جمعیت‌ها باشد. همچنین می‌تواند نشانگر اثرات فشار صیادی در این مناطق باشد. کاهش تعداد آلل واقعی و مؤثر در سطح جمعیت بیانگر تنوع ژنتیکی است (Lind *et al.*, 2008). این تغییر به‌صورت کاهش فراوانی آلل و از بین رفتن آلل‌های نادر صورت می‌گیرد (Evans *et al.*, 2008).

میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار بین ۰/۵۸ تا ۰/۸۴ و هتروزیگوسیتی مشاهده شده ۰/۷۱ تا ۰/۱۰ بود و میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده به‌ترتیب ۰/۷۲ و ۰/۸۸ محاسبه گردید. این میزان از تنوع ژنتیکی در حد تنوع ژنتیکی گونه‌های دریایی می‌باشد (Dewoody and Avise, 2000). در مقایسه با گونه‌های *P. major* و *A. schlegelii* در آبهای ژاپن و آبهای دریای چین دارای هتروزیگوسیتی مشابه می‌باشد (Perez-Enriquez and Taniguchi, 1999; Jeong *et al.*, 2003). اما میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده به‌دست آمده در مطالعه سیازنی و همکاران (Syazni *et al.*, 2015) در ماهی شانک زردباله بسیار بالا (۰/۹۱) بوده است. به‌طور کلی در مطالعات جمعیتی میزان تنوع ژنتیکی بالایی در شانک زردباله گزارش شده است (Xia *et al.*, 2008; Syazni *et al.*, 2015). این نتایج نشان می‌دهد که تنوع ژنتیکی این گونه در حد مطلوبی در مناطق مورد مطالعه است. مقایسه نتایج نشان می‌دهد که هتروزیگوسیتی به‌دست آمده در این بررسی مناسب ولی تعداد آلل آن تا حدودی پایین است. به‌طور کلی تعداد کم آلل نشانه‌ای از تنگنای ژنتیکی است که در شرایط جمعیت وحشی، ممکن است به‌دلیل جدا شدن جمعیت و یا کاهش شدید اندازه جمعیت مؤثر به‌دلیل صید و بهره‌برداری زیاد رخ داده باشد (Rezaei *et al.*, 2012).

پس از اعمال ضریب بونفرونی ۱۵ تست از مجموع ۴۸ تست در لوکوس‌های مختلف انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را نشان می‌دهند. تعدادی از این جایگاه‌ها در مطالعه ژیا و همکاران (Xia *et al.*, 2006) انحراف از تعادل مشاهده می‌گردد. در ۱۰ جایگاه میکروستلایتی بررسی شده در ماهی شانک در شرق ژاپن تنها در یک مورد عدم تعادل مشاهده گردید (Syazni *et al.*, 2015). عدم تعادل پیوستگی به‌عنوان یکی از دلایل انحراف از تعادل هاردی واینبرگ در هیچ یک از لوکوس‌ها مشاهده نگردید. انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را می‌توان به‌وجود آلل‌های نول در جمعیت‌های مورد بررسی نسبت داد. در واقع وجود آلل‌های نول در ماهی پدیده‌ای کاملاً عادی است و وجود این آلل‌ها در توارث میکروستلایت در ماهیان مورد تأیید قرار گرفته است (Rodzen and May, 2003)، اگر چه در هیچ جایگاهی آلل‌های نول مشاهده نگردید. عدم تعادل هاردی واینبرگ در ماهیان دریایی دیگر از جمله سوکلا (Salari *et al.*, 2008)، ماهی شیر (Abedi *et al.*, 2012) گزارش شده است.

فاکتور F_{st} توصیف کننده تمایز جمعیت در سطوح مختلف ساختار ژنتیکی است. در این بررسی میزان F_{st} بین جمعیت‌های مختلف ماهی شانک از ۰/۰۱ تا ۰/۰۴ بود که نشان‌دهنده تمایز پایین بین جمعیت‌ها می‌باشد (Wright, 1978). F_{st} در جمعیت‌های ماهیان دریایی پایین است. میانگین F_{st} برای ماهیان دریایی ۰/۰۲۰ گزارش شده است (Waples, 1998). $F_{st} < ۰/۰۵$ نشان می‌دهد که جریان ژنی در میان جمعیت‌ها مقداری محدود شده و اجازه می‌دهد تا بعضی از جمعیت‌ها به زیرجمعیت‌هایی تقسیم شوند (Hoolihan *et al.*, 2006). با توجه به جریان ژنی بالا بین جمعیت‌ها، تمایز پایین جمعیت‌ها به سادگی قابل توجه است. با تبادل افراد، تبادل ژنها نیز پیش می‌آید و تبادل بیشتر منجر به کم‌شدن تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها می‌گردد. آنالیز واریانس مولکولی آنالیز آماری، به‌عنوان ابزاری مناسب برای مشخص کردن ساختار جمعیت و میزان تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها است (Grassi *et al.*, 2004). بنابراین نتایج آزمون AMOVA در این بررسی براساس شاخص R_{st} ، تنوع ژنتیکی بالایی در داخل جمعیت‌ها (۰/۸۹) و اختلاف ژنتیکی پایین بین جمعیت‌ها (۰/۱۱) را نشان داد. میزان R_{st} بین جمعیت‌های مختلف مشخص کرد که جمعیت خورموسی و دیر از جمعیت بوشهر متمایز است اما نمونه‌های سه منطقه بوشهر، گناوه و دلوار تمایزی باهم ندارند. عدم وجود اختلاف بین جمعیت‌های ماهی شانک به دلیل نرخ بالای مهاجرت در این مناطق به دلیل لاروهای پلاژیک آنهاست. در دوره زندگی ماهی شانک در مرحله لاروی و نوجوانی به‌صورت پلاژیک بوده و به آن اجازه می‌دهد که با جریان‌های دریایی جابجا و جمعیت‌ها مخلوط گردند (Syazni *et al.*, 2015; Chang *et al.*, 2003). در هشت منطقه بررسی شده در غرب چین نیز اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌های ماهی شانک مشاهده نشده که سیازنی و همکاران (Syazni *et al.*, 2015) دلیل اصلی عدم تمایز جمعیتی را جریان بالای ژنی بین جمعیت‌ها عنوان کردند. مطالعات جین و همکاران (Jean *et al.*, 2000) نشان داد که ماهی

شانک در آب‌های تایوان دارای یک جمعیت است که اختلاف ژنتیکی کمی با یکدیگر دارند. علت مانسون فصل زمستان و جریانات سطحی آب است که باعث پراکنش لاروها و بچه‌ماهیان می‌گردد. همچنین جریان‌های اقیانوسی در پراکنش لاروهای این گونه مؤثر هستند. اما جیانگ و همکاران (Jeong *et al.*, 2003) عدم اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌های ماهی *A. schlegelii* را پراکنش تصادفی تخم‌ها به دلیل مهاجرت والدین می‌دانند.

برخی از اعضای خانواده شانک‌ماهیان دارای مهاجرت گسترده در یک منطقه محدود در طول چرخه زندگی خود هستند (Jean *et al.*, 2000; Jeong *et al.*, 2003). به‌عنوان مثال میزان مهاجرت *A. butcheri* در بین مصب رودخانه‌ها به ۳۰ کیلومتر در روز می‌رسد (Hindell *et al.*, 2008). اما کروات و همکاران (Kerwath *et al.*, 2007) عنوان کردند که ماهی *Chrysoblephus laticeps* مهاجرت محدود در حد ۳ کیلومتر دارند. به‌طور مشابه، جمعیت‌های *Diplodus sargus* تمایل به ماندن در یک محدوده کوچک یا مصب را دارند براساس رفتار ماهی شانک‌ماهیان، مطالعات نشان می‌دهد که *A. latus* بالغ مهاجرت گسترده اما تنها در یک فاصله کوتاه در اطراف یک مکان محدود را دارند. بنابراین، جریان ژنی بالا در جمعیت‌ها به احتمال زیاد به دلیل پراکنندگی تصادفی تخم دریایی و لارو این ماهیان است (Syazni *et al.*, 2015). در جمعیت‌های خلیج فارس نیز اختلافی بین مناطق بوشهر، گناوه، دلووار و هندیجان مشاهده نمی‌گردد، که می‌تواند به دلیل فاصله کم این مناطق با یکدیگر باشد. عامل مهاجرت ماهیان شانک بالغ در این مقوله نیز مؤثر است. حداکثر فاصله بین این مناطق ۳۰۰ کیلومتر است که باتوجه به میزان مهاجرت ماهی شانک احتمال تمایز بین جمعیت در این مکان کم می‌باشد. در مقابل، در منطقه دیر با فاصله جغرافیایی بیش از ۶۰۰ کیلومتر دارای اختلاف معنی‌دار با جمعیت‌های بوشهر است. برای مثال عامل فاصله جغرافیایی، جمعیت‌های ماهی شانک را در دریای چین در شمال و جنوب جدا می‌کند (Xia *et al.*, 2008). همچنین در بررسی جمعیت‌های ماهی *Sparus aurata* در آب‌های اطراف ایتالیا، از جمعیت‌های داخل اقیانوس متمایز است که فرانچینی و همکاران (Franchini *et al.*, 2012) عامل فاصله جغرافیایی را دلیل تمایز بین این جمعیت‌ها می‌دانند. در آزمون مانتل براساس فاصله ژنتیکی نشان می‌دهد که عامل فاصله جغرافیایی در تمایز جمعیت‌های ماهی شانک مؤثر است.

جریانات دریایی عامل اصلی در پراکنش لارو و بچه‌ماهیان شانک و جریان ژنی است (Syazni *et al.*, 2015). در نتیجه عوامل جغرافیایی در دریا می‌تواند محدودکننده ارتباط بین جمعیت‌ها باشد. خورموسی دارای محدودیت جغرافیایی است و تبادل ژنی کمتر با سایر مناطق داشته و جمعیت متمایزی از ماهی شانک در این منطقه وجود دارد. اگر چه میزان تمایز آن با جمعیت‌های نزدیک (هندیجان) کم است. جمعیت‌های ماهی *Sparus aurata* در داخل مدیترانه (آب‌های ایتالیا) متمایز از

جمعیت‌های اقیانوس اطلس هستند. جریان‌های آبی در خلیج فارس بسیار کند است و در نتیجه تأثیر کمتری نسبت به نقاط دیگر مانند آب‌های غرب ژاپن و کره یا جریان‌های مانسون در دریای چین و تایوان در جابجایی لاروها و بچه ماهیان دارد. در نتیجه انتظار می‌رود که جمعیت‌های متمایزی از این گونه در خلیج فارس وجود داشته باشد. همچنان که جمعیت مناطق دیر و عسلویه از جمعیت‌های بوشهر، گناوه و دلوار متمایز است. اگر چه جریان‌های دریایی نقش بزرگی در جمعیت‌های ماهیان شانک دارند اما فاصله جغرافیایی نیز عامل تعیین کننده است. در آب‌های چین با وجود جریان‌های دریایی اما جمعیت‌های متمایزی در شمال و جنوب دریای چین (بیش از ۱۰۰۰ کیلومتر) شناسایی شده است (Xia et al., 2008). اما در غرب ژاپن در فاصله ۳۰۰ کیلومتر جمعیت متمایزی مشاهده نشده است. در این مطالعه نیز جمعیت‌های با فاصله کمتر از ۲۰۰ کیلومتر با هم متمایز نیستند اما جمعیت‌های دیر و خورموسی و هنديجان با فاصله بیش از ۲۰۰ کیلومتر از یکدیگر متمایزند، همچنان که تست مانتل اثر فاصله بر اختلاف ژنتیکی را نشان می‌دهد.

به‌طور کلی نتایج این تحقیق نشان داد که تنوع آلی پایین در ماهی شانک زردباله خلیج فارس وجود دارد که احتمالاً به دلیل نوع جایگاه‌های بررسی شده است. اگر چه تنوع به دست آمده در جمعیت‌های خلیج فارس کمتر از جمعیت‌های این گونه در ژاپن، چین و ... بوده اما سطح تنوع در حد مطلوبی است. براساس اختلاف ژنتیکی و آنالیز واریانس مولکولی، سه جمعیت دیر، بوشهر (شامل زیر جمعیت‌های گناوه، دلوار و هنديجان) و جمعیت خورموسی قابل تمایز هستند. احتمالاً این جمعیت‌ها به دلیل فاصله جغرافیایی و جریان‌های دریایی از یکدیگر متمایز شده‌اند.

منابع

- Abedi E., Zolgharnein H., Salari M.A., Qasemi, A. 2012. Genetic Differentiation of Narrow-Barred Spanish Mackerel (*Scomberomorus commerson*) Stocks Using Microsatellite Markers in Persian Gulf. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 12(10): 1305-1310. (In Persian).
- Buxton C.D., Garratt P.A. 1990. Alternative reproductive styles in sea breams (Pisces: Sparidae). *Environmental Biology of Fishes*, 28: 113-124.
- Chang A.S., Dallimore A., Patterson R.T., McNealy R. 2003. Seasonal Sediment and Diatom Record from Late Holocene Laminated Sediments, Effingham Inlet, British Columbia, Canada. *Palaios*, 18: 477-494.
- Chen Z.Z., Qin Y.S. 2003. Estimation of growth and mortality parameters of *Parargyrops edita* Tanaka in Beibu Bay. *Journal of Fisheries of China*, 27: 251-257.

- Dewoody J.A., Avise J.C. 2000. Microsatellite variation in Marine, freshwater and anadromous fishes compare with other animal. *Journal of Fish Biology*, 56: 461-473.
- Evans D.M., Barrett J.C., Cardon L.R. 2008. To what extent do scans of non-synonymous SNPs complement denser genome-wide association studies?. *European Journal of Human Genetics*, 16: 718-723.
- Excoffier L., Lischer H.E. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3): 564-567.
- Franchini P., Sola L., Crosetti D., Milana V., Rossi A.R. 2012. Low levels of population genetic structure in the gilthead sea bream, *Sparus aurata*, along the coast of Italy. *ICES Journal of Marine Science*, 69(1): 41-50.
- Gonzalez E.B., Umino T. 2009. Fine-scale genetic structure derived from stocking black sea bream, *Acanthopagrus schlegelii* (Bleeker, 1854), in Hiroshima Bay, Japan. *Journal of Applied Ichthyology*, 25(4): 407-410.
- Goudet J. 1995. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, 86(6): 485-486.
- Grassi L., Travado L., Moncayo F.L., Sabato S., Rossi E., Sepos G. 2004. Psychosocial morbidity and its correlates in cancer patients of the Mediterranean area: findings from the Southern European Psycho-oncology study (SEPOS). *Journal of Affective Disorders*, 83: 243-248.
- Hesp A.S., Potter I.C., Hall N.G. 2004. Reproductive biology and protandrous hermaphroditism in *Acanthopagrus latus*. *Environmental Biology of Fishes*, 70: 257-272.
- Hindell J.S., Jenkins G.P., Womersley B. 2008. Habitat utilization and movement of black bream *Acanthopagrus butcheri* (Sparidae) in an Australian estuary. *Marine Ecology Progress*, 366: 219-229.
- Hoolihan J.P., Anandh P., Vanherwerden L. 2006. Mitochondrial DNA analyses of narrow-barred Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) suggest a single genetic stock in the ROPME sea area (Arabian Gulf, Gulf of Oman, and Arabian Sea). *ICES Journal of Marine Science*, 63:1066-1074.
- Jafari M., Norouzi P., Malboobi M.A., Ghareyazie B., Valizadeh M., Mohammadi S.A., Mousavi M. 2009. Enhanced resistance to a lepidopteran pest in transgenic sugar beetplants expressing synthetic *cryIAb* gene. *Journal of Euphytica*, 165: 333-344.
- Jean C.T., Lee S.C., Chen C.T. 2000. Population structure of yellow fin sea bream, *Acanthopagrus latus*, from the waters surrounding Taiwan, based on mtDNA sequences. *Ichthyological Research*, 47: 187-192.
- Jeong D.S., Umino T., Kuroda K., Hayashi M., Nakagawa H., Kang J.C., Morishima K.E., Arai K. 2003. Genetic divergence and population structure of

- black sea bream *Acanthopagrus schlegelii* inferred from microsatellite analysis. Fisheries Science, 69: 896-902.
- Kalinowski S.T. 2004. hp-rare 1.0: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness. Molecular Ecology Notes, 5: 187-189.
- Kerwath S.E., Götz A., Attwood C.G., Cowley P.D., Sawyer W.H.H. 2007. Movement pattern and home range of Roman, *Chrysoblephus laticeps*. African Journal Marine Science, 29: 93-103.
- Kumar S., Tamura k., Stecher G., Peterson D., Filipski A. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Molecular Biology and Evolution, 30(12): 2725-2729.
- Li J., Ou Y.J. 2000. Studies on the reproductive biology of the pond-cultured *Sparus latus* Houttuyn in the Coast of Shenzhen Bay. Journal of Zhejiang Ocean University (Natural Science), 19: 139-143.
- Lind P.A., Eriksson C.J., Wilhelmsen K.C. 2008. The role of aldehyde dehydrogenase-1 (ALDH1A1) polymorphisms in harmful alcohol consumption in a Finnish population. Human Genomics, 3(1): 24-35.
- Magoulas A. 2004. Mitochondrial DNA. In: Cadrin S, Kerr LA, Cadrin S, Friedland K, Mariani S, Waldman J. (Eds.). Stock identification methods. Academic Press, Applications in Fishery Science, Academic Press, pp: 311-330.
- Perez-Enriquez R., Takemura M., Tabata K., Taniguchi N. 2001. Genetic diversity of red sea bream *Pagrus major* in western Japan in relation to stock enhancement. Fisheries Science, 67: 71-78.
- Perez-Enriquez R., Taniguchi N. 1999. Genetic structure of red sea bream population off Japan and southwest Pacific, using microsatellite DNA markers. Fisheries Science, 65: 23-30.
- Rezaei M., Shabani A., Shabanpour B., Kashiri H. 2012. Microsatellite diversity and population genetic structure of *Rutilus frisii kutum* in Mazandaran coasts. Iranian Journal of Biology, 4(21): 548-558. (In Persian).
- Rodzen J., May B. 2003. Inheritance of microsatellite loci in white sturgeon (*Acipenser transmontanus*). Genome, 45(6): 1064-76.
- Rousset F. 2008. Gene pop'007: a complete re-implementation of the gene pop software for Windows and Linux. Molecular Ecology Resources, 8(1): 103-106.
- Salari Aliabadi M.A., Rezvani Gilkolaei S., Savari A., Zolgharnian H., Nabavi S.M.B. 2008. Genetic comparison of Persian Gulf and Oman sea populations of the Cobia, *Rachycentron canadum* by means of microsatellite technique. Iranian Fisheries Research Center, Tehran, Iran. 9 P.
- Shaw J. 2000. Fisheries environmental management review Gascony. Fisheries Environmental Management Review, 1: 22-29.
- Syazni A., Tomano S., Ueno K., Ohara K. 2015. Genetic structure of yellowfin black seabream *Acanthopagrus latus* in western Japan based on microsatellite and mtDNA marker analyses. Aquaculture Science, 63(1): 17-27.

- Van Herwerden L., McIlwain J., Al-Oufi H., Al-Amry W. 2006. Development and application of microsatellite markers for *Scomberomorus commerson* (Perciformes; Teleostei) to a population genetic study of Arabian Peninsula stocks. *Fisheries Research*, 79(3): 258-266.
- Van Oosterhout C., Hutchinson W.F., Wills D.P.M., Shipley P.F. 2004. Micro-Checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4: 535-538.
- Waples R.S. 1998. Separating the wheat from the chaff: patterns of genetic differentiation in high gene flow species. *Journal of Heredity*, 89(5): 438-450.
- Wright S. 1978. *Evolution and the Genetics of Populations. Vol.4, Variability within and among Natural Populations.* University of Chicago Press, Chicago, USA. 580 P.
- Xia J.H., Huang J.H., Gong J.B., Jiang S.G. 2005. Assessing genetic diversity and genetic structure of the yellow fin sea bream, *Acanthopagrus latus*, in Chinese waters using AFLP technique. *Proceeding of 13th International Congress on Genes, Gene Families and Isozymes ICGGFI, Medimond, Bologna, Italy*, pp: 209-213.
- Xia J.H., Huang J.H., Gong J.B., Jiang S.G. 2008. Significant population genetic structure of yellowfin seabream *Acanthopagrus latus* in China. *Journal of Fish Biology*, 73(8): 1979-1992.
- Xia J.H., Xia K.F., Jiang S.G. 2006. Characterization of 11 polymorphic microsatellite loci in the yellowfin seabream *Acanthopagrus latus*. *Molecular Ecology Notes*, 6(2): 484-486.
- Ye S.Z., Xiao F.S., Chen W.Y. 2004. The population structure of *Parargyrops edita* Tanaka in South Fujian and Taiwan bank fishing ground. *Journal of Fujian Fisheries*, 3: 23-30.