نشریه پژوهش‌های ماهی‌شناسی کاربردی
Journal homepage: http://jair.gonbad.ac.ir
وزارت علوم، تحقیقات و فناوری
دانشگاه گنبد کاووس

بررسی تنوع ژنتیکی ماهی ساردین رنگین‌کمان *Dussumieria acuta* Valenciennes, 1847 در خلیج فارس و دریای عمان (محدوده استان استان هرمزگان) با استفاده از ژن سیتوکروم اکسیداز ۱ (COI)

قاسم عسکری[۱]، رسول قربانی*[۲]، علی شعبانی[۲]، عبدالرسول ماهینی[۳]، فرهاد کی‌مرام[۴]، رحمت‌الله ندافی[۵]

[۱] دانشجوی دکتری بوم شناسی آبزیان شیلاتی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران
[۲] دانشیار، گروه شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران
[۳] دانشیار، گروه محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران
[۴] دانشیار، مؤسسه تحقیقات شیلات ایران، تهران، ایران
[۵] دانشیار، دانشگاه کشاورزی SLU سوئد

نوع مقاله:
پژوهشی اصیل

تاریخچه مقاله:
دریافت: ۹۶/۰۷/۱۵
پذیرش: ۹۶/۰۹/۲۲

نویسنده مسئول مکاتبه:
رسول قربانی، دانشیار، گروه شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران
ایمیل:rasulghorbani@gmail.com

چکیده

در این بررسی ۱۲ نمونه ماهی ساردین رنگین‌کمان از ۶ منطقه جاسک، قشم و بندر لنگه صید گردید. استخراج DNA با روش فنل-کلروفرم از بافت باله ماهیان انجام شد. به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی ساردین رنگین‌کمان از ژن سیتوکروم اکسیداز ۱ (COI) استفاده شد. تکثیر ژن COI با استفاده از پرایمرهای اختصاصی طراحی شده براساس توالی‌های موجود در بانک ژن صورت گرفت. طول ۶۱۹ جفت باز از محصول واکنش زنجیره پلیمرازی توالی‌یابی شد. توالی‌های ژنی نمونه‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای MEGA5 و Bioedit7 مورد مقایسه قرار گرفتند و میزان یکپارچگی نمونه‌ها مشخص گردید. همچنین با استفاده از نرم‌افزار dnaSP5 میزان چند شکلی یا تعداد هاپلوتیپ‌ها بررسی شد. نتایج این تحقیق نشان داد که در بین نمونه‌های جمعیت‌های مختلف ساردین رنگین‌کمان فاصله ژنتیکی کمی وجود دارد. همچنین تعداد ۹ نوع هاپلوتیپ بین نمونه‌های مورد مطالعه شناسایی گردید.

واژه‌های کلیدی:
***D. acuta*، تنوع ژنتیکی، COI، هرمزگان**

۱ | مقدمه

ساردین‌ماهیان در رده شگ‌ماهی شکلان طبقه‌بندی می‌شوند. چهار خانواده ساردین‌ماهیان (Clupeidae)، موتوماهیان (Engraulidae)، خاروماهیان (Chirocentridae) و شمسک‌ماهیان (Pristigasteridae) همگی متعلق به زیر رده شگ‌ماهیان هستند. این ماهیان از نظر جایگاه بوم‌شناسی در گروه ماهیان سطح‌زی ریز قرار می‌گیرند (Konyeh and Zeraat Pisheh, 2017). ساردین رنگین‌کمان (*Dussumieria acuta*) یکی از گونه‌های غالب صید شناورهای صیادی پرساین آب‌های ساحلی در محدوده استان هرمزگان می‌باشد (Salarpour *et al.*, 2002). ساردین‌ماهیان اغلب پلانکتون‌خوار و از اولین سرشاخه‌های هرم غذایی بوده لذا دارای جایگاه مهمی در اکوسیستم دریا می باشند (Salarpour and Darvishi, 2005). باتوجه به حضور این ماهیان در سطوح اولیه هرم غذایی دریاها به‌عنوان اولین مصرف- کنندگان تولیدات اولیه و نیز نقشی که این ماهیان در تغذیه ماهیان بزرگتر دارند از اهمیت خاصی برخوردارند. از این‌رو برداشت ناآگاهانه از این ذخایر، سایر آبزیان با ارزش در هرم غذایی را با تهدید مواجه می‌نماید (Salarpour *et al.*, 2007). صید ساردین‌ماهیان در استان هرمزگان تا پیش از روش پرس‌ساین عمدتاً توسط تورهای گوشگیر و جل ساحلی انجام می‌گردید. با توسعه روش پرساین به‌ویژه پرس‌ساین دو قایقی میزان صید به‌طور قابل توجهی افزایش یافت. براساس آمار صید شیلات ایران آبزیان در خلیج فارس و دریای عمان بیانگر آن است که سهم ماهیان سطح‌زی ریز در طی سال‌های ۱۳۹۲-۱۳۸۶ بین ۱۲-۶٪ از کل صید آبزیان در نوسان بوده است. سهم صید ماهیان سطح‌زی ریز از کل صید استان هرمزگان در سال ۱۳۸۰ حدود ۱۰٪ بوده، درحالی‌که در سال ۱۳۹۲ به ۳۰٪ رسیده است (Iranian Fisheries

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-11-09]
[DOI: 10.22034/jair.8.3.12]

(Statistics, 2013).

مطالعه ساختار ژنتیکی جمعیت در آبزیان نه تنها از جنبه بررسی-های تاکسونومیک و حفاظت گونه‌ای مهم و جالب توجه می‌باشد (Tudela *et al*.,1999)، بلکه به‌دلیل اهمیت این موجودات در تأمین ذخایر پروتئینی جیره دام، در مدیریت ذخایر و طراحی برنامه‌های حفاظت از محیط‌زیست دریایی بسیار حائز اهمیت است. ساختار ژنتیک جمعیت موجودات دریایی می‌تواند تحت‌تأثیر عواملی فاکتورهای فیزیکی دریا همانند جریانات دریایی، جزر و مد و حتی تغییرات زمین-شناختی قرار بگیرد. علاوه‌بر موارد فوق فاکتورهای بیولوژیکی مثل پتانسیل جابجایی لاروها، استراتژی تولیدمثل و پتانسیل مهاجرت گونه-ای (عمودی و افقی) می‌تواند بر چگونگی پراکنش افراد جمعیت یک گونه تأثیر فراوان بگذارد (Liu *et al*., 2009). از سوی دیگر ذخایر ماهیان دریایی نسبت به گونه‌های آب شیرین، قادرند مهاجرت‌های بیشتری بین دو بخش از جمعیت انجام دهند. در راستای شناسایی و مشخص کردن و ساختار یک جمعیت، مطالعات مورفولوژیکی و ژنتیکی نقشی اساسی در این زمینه دارند. با این وجود مهمترین محدودیت خصوصیات مورفولوژیک این است که همه تنوع فنوتیپی ناشی از تأثیر ژنوتیپ نیست بلکه تأثیرات محیطی نیز در بروز آنها مؤثر می‌باشند (Murphy *et al*., 1996). ژنوم میتوکندری یا mtDNA به طریق مادری به ارث می‌رسد و از این‌رو پدیده کراسینگ اور و نوترکیبی در آن صورت نمی‌گیرد. ژن COI با توجه به قدرت بالایی بارکدینگ از میان ژن‌های موجود در بانک جهانی ژن انتخاب گردید.

بررسی‌های انجام شده در خلیج فارس و دریای عمان نشان می‌دهد که در جمعیت ماهیان سطح‌زی ریز نیز مانند دیگر ماهیان با پراکندگی گسترده، فاکتورهای فیزیکی می‌توانند باعث ایجاد تفاوت‌های مورفولوژیک گردند. مطالعات انجام شده در پاکستان نشان می‌دهد که بخش‌هایی از جمعیت بعضی از گونه‌های سطح‌زی ریز موجود در دریای عمان قدرت پراکندگی زیاد ندارند و به‌همین دلیل برای صید این منابع باید تمهیداتی در نظر گرفته شود که ذخیره ژنی این ذخایر آسیب نبیند (Parrish, 1989). اینو و همکاران (Inoue *et al*., 2000) DNA میتوکندریایی ساردین ژاپنی را به‌طور کامل بارکدینگ نمودند.

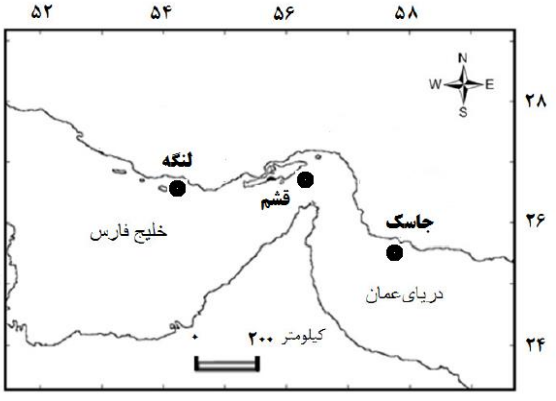
باتوجه به اینکه هیچگونه مطالعات جامعی در خصوص بارکدینگ ساردین رنگین‌کمان با استفاده از ژن COI در خلیج فارس و دریای عمان انجام نگردیده، جمعیت ساردین رنگین‌کمان (*D. acuta*) در محدوده آب‌های ساحلی استان هرمزگان با استفاده از ژن COI مورد ارزیابی تنوع ژنتیکی و بارکد قرار گرفتند.

۲ | مواد و روش‌ها

این مطالعه در خلیج فارس و دریای عمان (سواحل استان هرمزگان) در محدوده بندر لنگه (۵۵ درجه شرقی و ۲۶ درجه شمالی) تا بندر جاسک (۵۷ درجه شرقی و ۲۵ درجه شمالی) انجام شد (شکل ۱). بندر لنگه دارای دو صیدگاه اصلی بستانه و گرزه، بندر قشم دارای دو صیدگاه رمچاه و صلخ و بندر جاسک دارای دو صیدگاه بحل و یکبنی فعال در صید ماهیان سطح‌زی ریز می‌باشند. نمونه‌برداری در آبان ماه ۱۳۹۳ از تمامی مناطق انجام و به‌منظور شناسایی گونه خصوصیات مورفومتریک و مریستیک مورد ارزیابی قرار گرفت. تعداد ۳۰ نمونه به‌منظور شناسایی مورفومتریک و مریستیک (طول کل، طول چنگالی، تعداد خارهای آبششی، تعداد شعاع‌های باله پشتی و مخرجی و قطر چشم) مورد ارزیابی و از هر ایستگاه تعداد ۲ نمونه مورد ارزیابی ژنتیکی قرار گرفت. نمونه‌های صید شده در اتانول ۹۶ درصد تثبیت و به آزمایشگاه ژنتیک و بیوتکنولوژی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان انتقال داده شد. استخراج DNA باله پشتی به روش فنل- کلروفرم انجام شد (Hilis *et al*., 1996). در این مطالعه از نشانگر میتوکندریایی COI استفاده گردید و واکنش زنجیره پلیمراز با استفاده از پرایمر در دستگاه ترموسایکلر انجام و در نهایت محصول PCR جهت توالی‌یابی به دانشگاه Uppsala کشور سوئد ارسال شد. جهت آنالیز داده‌های ژنتیکی از نرم‌افزارهای MEGA-5، Arlequin-3.11، Bio-Edit، Genetic Network Analyzer استفاده شد.

جدول ۱- توالی پرایمر مورد استفاده

توالی پرایمر
FishF1 5"TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC3"
FishR1 5"TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA3"



شکل ۱- مناطق نمونه‌برداری ساردین‌ماهیان در استان هرمزگان ۱۳۹۴-۱۳۹۳

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.22034/jair.8.3.12]

۳ | نتایج

توالی نوکلئیوتیدی ژن COI به طول ۶۱۹ جفت باز برای ۱۲ نمونه ساردین رنگین‌کمان (*D. acuta*) (جدول ۳) و همچنین تعداد ۶ توالی این گونه ثبت شده در سایت NCBI به‌همراه یک توالی شانک زردباله (*Acanthopagrus latus*) به‌عنوان گروه خارجی برای ریشه‌دار کردن درخت فیلوژنتیک مورد آنالیز قرار گرفت. از ۶۱۹ جفت باز، که ۶۱ جایگاه متغیر وجود دارد، که ۵۵۸ جایگاه مونومورفیک (غیرمتغیر) و ۶۱ جایگاه پلی‌مورفیک (متغیر) بودند که از این تعداد جایگاه‌های اطلاع بخش (Parsimony informative) که همه ۶۱ جایگاه دارای دو واریانت بود و هیچ جایگاه ۳ و ۴ واریانتی مشاهده نشد. بازهای تیمین و گوانین به‌ترتیب بیشترین و کمترین فراوانی را داشته‌اند. میزان جانشینی نوع اول (جانشینی بازهای پورین A-G با یکدیگر و جانشینی بازهای پیریمیدین C-T با یکدیگر) و جانشینی نوع دوم (جانشینی بازهای پورین و پیریمیدین با یکدیگر) در جدول ۲ اعدادی که به‌صورت خط زیر نشان داده شده‌اند نرخ جانشینی نوع اول را بیان می‌کنند و سایر اعداد که به‌صورت ایتالیک، نشان‌دهنده نرخ جانشینی نوع دوم هستند. بیشترین فاصله ژنتیکی بین نمونه‌های رمچاه۲ (جزیره قشم) با نمونه یکبنی ۲ (بندر جاسک) مشاهده شده است (جدول ۱).

جدول ۱- فواصل ژنتیکی جفتی بین نمونه‌های به دست آمده از ایران (نمونه، بیان کننده نام‌های اختصاری نمونه‌ها می‌باشد)

	Bostaneh1	Bostaneh2	Gorzeh1	Gorzeh2	Mesen1	Mesen2	Ramchah1	Ramchah2	Salakh1	Salakh2	Yekboni1
Bostaneh1											
Bostaneh2	0.0032										
Gorzeh1	0.00162	0.00162									
Gorzeh2	0.00162	0.00162	0.00000								
Mesen1	0.00162	0.00162	0.00324	0.00324							
Mesen2	0.00162	0.00162	0.00324	0.00324	0.00000						
Ramchah1	0.00324	0.00324	0.00324	0.00487	0.00162	0.00162					
Ramchah2	0.00487	0.00162	0.00324	0.00324	0.00324	0.00324	0.00162				
Salakh1	0.00324	0.00324	0.00487	0.00487	0.00162	0.00162	0.00000	0.00162			
Salakh2	0.00324	0.00324	0.00487	0.00487	0.00162	0.00162	0.00000	0.00162	0.00000		
Yekboni1	0.09631	0.09824	0.09824	0.09824	0.09631	0.09631	0.09824	0.10018	0.09824	0.09824	
Yekboni2	0.09644	0.09838	0.09838	0.09838	0.09644	0.09644	0.09838	0.10032	0.09838	0.09838	0.00650

جدول۲- تخمین الگوهای جانشینی نوکلئوتیدها

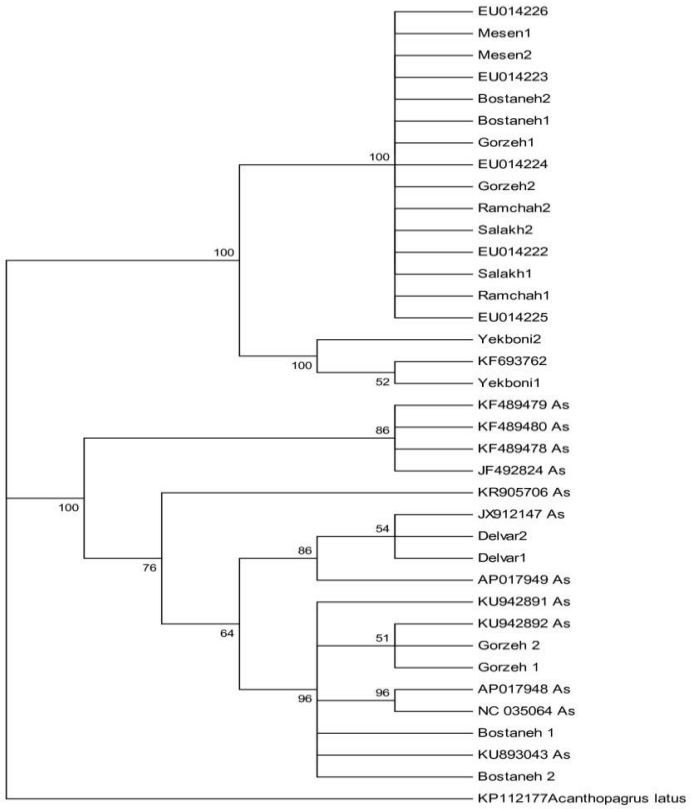
نوکلئوتید	A	T	C	G
A	-	۴/۵۲	۴/۵۲	**۱۳/۸۲**
T	۳/۷۰	-	**۱۸/۷۱**	۲/۹۳
C	۳/۷۰	**۱۸/۷۰**	-	۲/۹۳
G	**۱۷/۴۴**	۴/۵۲	۴/۵۲	-

جدول ۳- ساختار ژنتیکی ناحیه کنترل در ۱۲ نمونه توالی یابی شده

تعداد توالی	۱۸
تعداد کل سایت (نوکلوتید)	۶۱۹
تعداد سایتهای پلی مورفیک (جداکننده)، متغیر	۶۱
تعداد سایت‌های مونو مورفیک، غیر متغیر	۵۵۸
تعداد کل جهش‌ها	۶۲
تعداد هاپلوتایپ	۹
تنوع هاپلوتایپ	۰/۸۷۵۸
واریانس هاپلوتایپی	۰/۰۰۲۶۵
تنوع نوکئلوتیدی	۰/۰۲۸۸۰
میانگین تعداد تفاوت نوکلوتیدی	۱۷/۸۳۰۰۷

تحلیل MP (Phylogenetics analysis) توسط نرم‌افزار MEGA-5 و تعداد ۳۶ توالی از دو گونه *D. acuta* و *Amblygaster sirm* مورداستفاده قرار گرفت. ابتدا ۲۴ مدل برای توالی‌های نوکلئوتیدی مورد آزمون قرار گرفت که درنهایت براساس معیار (AIC)، مدل HKY+G انتخاب شد. در اینجا درخت حداکثر درست نمایی، با بوت استرپ ۱۰۰۰۰ مرتبه تکرار براساس مدل HKY+G رسم گردید. نتایج آنالیز مشخص نمود که دو گونه *D. acuta* و *A. sirm* کاملاً جدا از هم می‌باشند (شکل ۲). همچنین نتایج این تحقیق مشخص نمود که نمونه‌های ساردین رنگین‌کمان منطقه یکبنی (بندر جاسک) در کل کاملاً جدا از سایر نمونه‌های مناطق دیگر قرار گرفته است.

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-11-09]
[DOI: 10.22034/jair.8.3.12]



شکل ۲- درخت حاصل از تحلیل حداکثر پارسیمونی که روابط فیلوژنتیک گونه *D. acuta*

۴ | بحث و نتیجه‌گیری

مطالعه ساختار ژنتیکی جمعیت در آبزیان نه تنها از جنبه بررسی‌های تاکسونومیک و حفاظت گونه‌ای مهم و جالب توجه می باشد (Tudela *et al.*, 1999)، بلکه به‌دلیل اهمیت این موجودات در تأمین ذخایر پروتئینی، در مدیریت ذخایر و طراحی برنامه‌های حفاظت از محیط-زیست دریایی بسیار حائز اهمیت است. ساختار ژنتیک جمعیت موجودات دریایی می‌تواند تحت‌تأثیر عواملی مانند فاکتورهای فیزیکی دریا مانند جریانات دریایی، جزر و مد و حتی تغییرات زمین‌شناختی قرار بگیرد. علاوه بر این فاکتورهای بیولوژیکی مثل پتانسیل جابجایی لاروها، استراتژی تولیدمثل و پتانسیل مهاجرت گونه‌ای (عمودی و افقی) می‌تواند بر چگونگی پراکنش افراد جمعیت یک گونه تأثیر فراوان بگذارد (Liu, 2009). از سوی دیگر ذخایر ماهیان دریایی نسبت به گونه‌های آب شیرین قادرند که مهاجرت‌های بیشتری بین دو بخش از جمعیت انجام دهند. در راستای شناسایی و مشخص کردن وضعیت واقعی بخش‌های مختلف یک جمعیت همراهی مطالعات مورفولوژیک و ژنتیک نقشی اساسی ایفا می‌کند. جمعیت‌های ماهیان اغلب دارای تنوع فنوتیپی بالا و تنوع نوکلئوتیدی متوسط و کم می‌باشند (Froese and Pauly, 2015). ماهیان دریایی سطوح پایین تفاوت ژنتیکی در محدوده جغرافیایی حوزه پراکندگی خود نشان می‌دهند. عطاروچ و همکاران (Atarhouch *et al.*, 2006) با بررسی ناحیه میتوکندریایی *Sardinella pilchardus* موجود در مناطق مرکزی و شرقی اقیانوس اطلس شمالی و دریای مدیترانه تنوع هاپلوتایپی بالا و جریان ژنی اندک بین مناطق نمونه‌برداری را به‌دست آورد.

مطالعه مولکولی شش جمعیت ساردین رنگین‌کمان بندر جاسک، جزیره قشم و بندر لنگه با استفاده از ژن COI ، در مجموع تعداد ۹ هاپلوتیپ نشان داد. با توجه به نتایج به‌دست آمده تنوع ژنتیکی نسبتاً مطلوبی در بین جمعیت‌های مورد مطالعه وجود داشته اما تفاوت ژنتیکی بسیار محدودی در بین جمعیت‌های رمچاه و مسن، بستانه، سلخ و گرزه وجود دارد، به‌همین دلیل تمامی این جمعیت‌ها بر اساس تحلیل حداکثر پارسیمونی (Maximum parsimony) و تحلیل اتصال مجاور (Neighbor joining) در یک شاخه قرار گرفته و تفاوت ژنتیکی محدودی را نشان داده‌اند. تنها نمونه‌های ایستگاه یکبنی بندر جاسک در شاخه جدا از سایر گونه‌ها قرار گرفت. با توجه به میزان تفاوت ژنتیکی آن با سایر جمعیت‌ها می‌توان نتیجه گرفت که این جمعیت جدا از جمعیت‌های خلیج فارس می‌باشد. تنوع ژنتیکی مشاهده شده در بین جمعیت‌ها کمتر از تنوع مشاهده شده در داخل جمعیت‌ها بوده که این موضوع بیانگر وجود جریان ژنی بین جمعیت‌های خلیج فارس ناشی از مهاجرت افقی و عمودی افراد بالغ به‌منظور تخم‌ریزی باشد.

تنوع ژنتیکی درون جمعیت و گسترش آن به سازگاری ماهی و پایداری جمعیت، تعداد افراد مؤثر تولیدمثل کننده و مخاطرات محیطی و ابعاد جمعیت دارد (Azpeitia *et al.*, 2013). جوناس و

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-11-09]
[DOI: 10.22034/jair.8.3.12]

همکاران (Jonas *et al*., 2011) به بارکدینگ DNA ساردین آب شیرین فیلیپین (*S. tawilis*) پرداخته و فاصله ژنتیکی ساردین فیلیپینی را با سایر ساردین ماهیان ۱۹/۳ – ۱۶/۴ درصد اعلام نمودند. آنها گزارش نمودند که ساردین فیلیپینی بر خلاف یافته‌های قبلی کاملاً مجزا از گونه *S. albella* می‌باشد. همچنین آنها برای اولین بار توالی-یابی گونه *S. jussieu* را مورد بررسی قرار داده و از تعداد ۵ نمونه مورد بررسی ۲ نمونه در یک شاخه با توالی گونه *S. fimbriata* و تعداد ۳ نمونه در شاخه‌ای مجزا قرار گرفتند. وجود تنوع ژنتیکی بالا در داخل جمعیت‌های ساردین ماهی به‌دلیل تمایل آنها به ایجاد دسته‌جات بزرگ می‌باشد، که این موضوع نشان از ثبات جمعیت مناطق مورد بررسی دارد. تمایز ژنتیکی اندک بین جمعیت‌های جزیره قشم و بندر لنگه می‌تواند ناشی از نزدیک بودن جغرافیای منطقه و تبادل ژن مابین این مناطق باشد. به‌طورکلی خصوصیات گونه و شرایط محیطی جریان ژنی بین دو منطقه را تحت‌تأثیر قرار داده و سبب بروز تفاوت‌های فنوتیپی و ژنوتیپی بین دو جمعیت و در نتیجه کم شدن تنوع بین جمعیتی و زیاد شدن تنوع درون جمعیتی می‌شود (Magoulas *et al*., 2006). سالارپور و همکاران (Salarpour *et al*., 2012) به‌منظور تعیین سطح بهینه برداشت از ذخایر ساردین‌ماهیان و موتوماهیان در آب‌های خلیج فارس و دریای عمان (محدوده استان هرمزگان) به ارزیابی پارامترهای پویایی جمعیت با بکارگیری مدل‌های ارزیابی ذخایر پرداخته و نتایج مشخص نمود که جمعیت‌های ساردین سند و موتو معمولی در مناطق جزیره قشم و بندر لنگه احتمالاً متعلق به ذخیره واحد می‌باشند

با توجه به نتایج به‌دست آمده از مطالعات ژنتیکی شش جمعیت ساردین رنگین‌کمان موردمطالعه در خلیج فارس و دریای عمان می‌توان نتیجه گرفت مهاجرت‌های قابل ملاحظه‌ای در بین جمعیت‌های خلیج فارس وجود داشته و میزان تمایز ژنتیکی بین آنها محدود بوده و تنها جمعیت جاسک با توجه به شرایط جغرافیایی و محیطی خاص خود دارای اندکی تفاوت ژنتیکی می‌باشد. نتایج مهاجرت‌های رخ داده در خلیج فارس از غرب به شرق را تأیید می‌نمایند.

پست الکترونیک نویسندگان

قاسم عسکری:	askarighasem82@gmail.com
رسول قربانی:	rasulghorbani@gmail.com
علی شعبانی:	ali_shabani@yahoo.com
عبدالرسول ماهینی:	shilat86_iut@yanoo.com
فرهاد کی‌مرام:	farhadkymaram@gmail.com
رحمت‌الله ندافی:	rahmat.Naddafi@slu.se

REFERENCES

Atarhouch T., Ruber L., Gonzalez E.G., Albert E.M., Rami M., Dakkak A., Zardoya R. 2006. Signature of an early genetic bottleneck in a population of Moroccan sardines (*Sardinella pilchardus*), Molecular Phyogenetics and evolution, 39:373-383.

Azpeitia R.M., López-Martínez J., Rábago-Quiroz C.H., Nevárez-Martínez M.O., Herrera-Valdivia E. 2013. Growth and mortality rates of *Pseudupeneus grandisquamis* and *Urobatis halleri* bycatch species in the shrimp fishery. Hidrobiológica, 23(3): 386-393.

Froese R., Pauly D. 2015. FishBase. World Wide Web electronic publication http://www.fishbase.org.

Hillis D.M., Moritz C., Mable B.K. 1996. Molecular Systematics. 2 edition. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Incorporations. USA.

Inoue K., Wen R., Rehg J.E., Adachi M., Cleveland J.L., Roussel M.F., Sherr C.J. 2000. Disruption of the ARF transcriptional activator DMP1 facilitates cell immortalization, Ras transformation, and tumor genesis. Genes and Development, 14:1797-809.

Iranian Fisheries Statistics. 2013. Planning Office. Department of Statistics and Fisheries Studies. Tehran, Iran. 33p.

Jonas p., Santos B.S., Ong S.P., Basiao Z.U., Fontanilla I.K.C., Cao E.P. 2011. DNA Barcoding of the Philippine Endemic Freshwater Sardine *Sardinella tawilis* (Clupeiformes: Clupeidae) and Its Marine Relatives. Philippine Agricultural Scientist, 94(3): 248-257.

Konyeh F., Zeraat Pisheh F. 2017. Length-weight relationship for 4 economical species in north coast of Persian Gulf. Shil-journal, 5: 1-4.

Liu Y.G., Yu Z.G., Bao B.L., Sun X.Q., Shi L. 2009. Population genetics studies of half-smoth tongue sole *Cynoglossus semilaevi* Using ISSR markers, Biochemical systematics and ecology, 36: 821-827.

Magoulas A., Castilho R., Caetano S., Marcato S., Patarnello T. 2006. Mitochondrial DNA reveals a mosaic pattern of phylogeographical structure in Atlantic and Mediterranean population of anchovy (*Engraulis encrasicolus*), Molecular Phylogenetic and evolution, 39: 734-746.

Murphy R.W., Sites J.W., Buth D.G., Haufler C.H. 1996. Proteins: Isozyme Electrophoresis. D.M., Hillis C., Moritz B.K., Mable, Molecular Systematics, 2nd edition.Massachusetts: Sinauer Associates. Sunderland, MA, USA. pp: 51-120.

Parrish R.H., Serra R., Grant W.S. 1989. The monotypic sardines, Sardina and Sardinops: their taxonomy, distribution, stock structure, and zoogeography. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 46: 2019-2036.

Salarpour A., Behzadi S., Darvishi M., Momeni M. 2007. Assessment of *Sardinella sindensis* of the costal Qeshm Island. Iran Fisheries Journal, 4: 121-132.

Salarpour A., Darvishi M. 2005. Reproduction characteristics of sind sardine (*Sardinella sindensis*) in Jask coastal waters. Pajouhesh and Sazandegi, 70: 59-64.

Salarpour A., Kamrani A., Zarshenas A., Darvishi M., Jokar K., Karimzade R., Sobhani A. 2002. Investigation of the Hunting Level of Fish Sardines in Jask Area and its Relationship with Hydrological Parameters. Ecology Institute of Persian Gulf and Oman Sea. 65p.

Salarpour A., Sobhani A., Barani M. 2012. Assessment of sardines and moto fishes with emphasis on Bandar Lengeh

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.22034/jair.8.3.12]

and Qeshm Island. Institute for Fisheries Research, 127p.

Tudela S., Garcya-Marynn J.L., Pla C. 1999. Genetic structure of the European anchovy, *Engraulis encrasicolus*, in the north-west Mediterranean, Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 234: 95-109.

نحوه استناد به این مقاله:

عسکری ق.، قربانی ر.، شعبانی ع.، ماهینی ع.ر.، کی‌مرام ف.، ندافی ر.ا. بررسی تنوع ژنتیکی ماهی ساردین رنگین‌کمان *Dussumieria acuta* Valenciennes, 1847 در خلیج فارس و دریای عمان (محدوده استان هرمزگان) با استفاده از ژن سیتوکروم اکسیداز ۱ (COI). نشریه پژوهش‌های ماهی‌شناسی کاربردی دانشگاه گنبدکاووس. ۱۳۹۹، ۱۸-۱۲ :(۳)۸ .

Askari Gh., Ghorbani R., Shabani A., Mahini A.R., Keymaram F., Nadafi R.A. Genetic diversity of *Dussumieria acuta* Valenciennes, 1847 in the Persian Gulf and Gulf of Oman (Coast of the Hormozgan Province) using Cytochrome oxidase subunit I gene (COI). Journal of Applied Ichthyological Research, University of Gonbad Kavous. 2020, 8(3): 12-18.

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.22034/jair.8.3.12]

Genetic diversity of *Dussumieria acuta* Valenciennes, 1847 in the Persian Gulf and Gulf of Oman (Coast of the Hormozgan Province) using Cytochrome oxidase subunit I gene (COI)

Askari Gh[1]., Ghorbani R[*2]., Shabani A[2]., Mahini A.R.[3], Keymaram F[4]., Nadafi R.A.[5]

[1]PhD Student of Aquatic Ecology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
[2] Associate Prof., Dept. of Fisheries, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
[3] Associate Prof., Dept. of Environment, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
[4] Associate Prof., Iranian Fisheries Research Institute, Tehran, Iran
[5] Associate Prof., SLU University of Agricultural Sciences, Sweden

Type:

Original Research Paper

Paper History:

Received: 07-10-2017
Accepted: 13-12- 2017

Corresponding author:
Ghorbani R. Associate prof., Dept. of Fisheries, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.

Email: rasulghorbani@gmail.com

Abstract

In this study, 12 specimens were collected from Bandar-e Jaask, Qeshm Island, and Bandar-e Lengeh in the Hormozgan Province. DNA extraction was performed using the Phenol-Chloroform method. A partial DNA sequence of cytochrome oxidase subunit I gene (COI) was used to evaluate the genetic diversity. The sequence of COI was performed using specific primers designed based on the sequences registered in NCBI GenBank. The diversity of 619 bp of COI was estimated. The sequence of the gene was compared using MEGA5 and Bioedit7 software. Also, polymorphism or haplotype frequency was evaluated using dnaSp7 software. Results showed that there was a low genetic distance among all populations. In addition, nine haplotypes were identified among the studied samples.

Keywords: *D. acuta*, Genetic diversity, COI, Hormozgan Province

[Downloaded from jair.gonbad.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.22034/jair.8.3.12]