ژنتیک نوین
دوره نهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۳
صفحه ۱۴۲-۱۳۵

ارزیابی تنوع ژنتیکی ماهی حلوا سفید (*Pampus argenteus*) در خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

Genetic diversity of silver pomfret (*Pampus argenteus*) in the Persian Gulf and Oman Sea using microsatellite analysis

خدیجه بذرافشان[۱]، بیتا ارچنگی[*۱]، محمدتقی رونق[۱]، محمدعلی سالاری[۱]، احمد سواری[۱]

۱- کارشناس ارشد، استادیاران و استاد، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، ایران

Bazrafshan K[1], Archangi B[*1], Ronagh MT[1], Salari MA[1], Savari A[1]

1. MSc Student, Assistant Professors and Professor, Khorramshahr University of Marine Science and Technology, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Bita.archangi@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹۱/۱۲/۷- تاریخ پذیرش: ۹۲/۱۲/۱۱)

چکیده

امروزه نگرانی‌های زیادی در استفاده از ذخایر دریایی در جهان وجود دارد به‌طوری‌که تنوع زیستی دریایی در اثر فعالیت‌های صید و صیادی تحت فشار شدید می‌باشد. در این میان مطالعات اکولوژی مولکولی می‌تواند راه‌حلی مهم برای تعیین خصوصیات ژنتیکی و همچنین انتخاب ژن مطلوب و یا ترکیب ژن‌های با ارزش در گونه‌های تجاری باشد. شناخت منابع و ذخایر دریایی در مدیریت و حفاظت گونه‌ها از اهمیت بالایی برخوردار است. زیرا این مساله اولین پیش نیاز برای حفظ سازگاری جمعیت‌ها تحت شرایط محیطی و در حال تغییر است. ماهی حلوا سفید از گونه های با ارزش شیلاتی و اقتصادی در آبهای جنوبی ایران محسوب می‌شود. بنابر این، به منظور حفظ و حراست این گونه با ارزش دریایی، ارزیابی ذخایر ژنتیکی این گونه ضروری به نظر می‌رسد. در مطالعه حاضر، ساختار ژنتیک جمعیت ماهی حلواسفید در سواحل خلیج فارس و دریای عمان، با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره مطالعه شد. تعداد ۱۴۴ قطعه ماهی حلوا سفید صید شده از ۵ منطقه (استان‌های سیستان و بلوچستان، هرمزگان، بوشهر و خوزستان) در طول سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان مورد بررسی قرار گرفت. نتایج به دست آمده از Fst (۰/۰۴۰) و Rst (۰/۱۲۹) تمایز ژنتیکی پایینی را در مناطق نشان داد. همچنین، بر اساس تجزیه واریانس مولکولی، تنها ۴ درصد تنوع مشاهده شده مربوط به بین جمعیت‌ها می‌باشد. نتایج نشان داد که جمعیت‌های مورد بررسی از غنای آللی و تنوع ژنتیکی قابل قبولی برخوردارند و همچنین استفاده از جایگاه‌های ریزماهواره می‌تواند اطلاعات کاملی از ذخائر ژنتیکی گونه مذکور ارائه کند.

واژه‌های کلیدی

حلوا سفید
خلیج فارس
دریای عمان
ریزماهواره
ژنتیک جمعیت

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]

مقدمه

ماهی حلوا سفید با نام علمی *Pampus argenteus* (Euphrasen 1788) جزو راسته Perciformes و خانواده Stromateidae محسوب می‌شود. محدوده پراکنش گونه حلوا سفید از غرب اقیانوس هند، خلیج فارس و دریای عمان تا آب‌های کشور اندونزی، مالزی، شبه جزیره هوکایدو در کشور ژاپن (Headrich 1984) و نیز آبهای کشور چین و کره می‌باشد (Haedrich 1967; Headrich 1984; Davis and Wheeler 1985; Cho et al. 1989; Liu and Li 2002; Peng et al. 2009; Zhoa et al. 2010). این گونه از ارزش تجاری بالایی در میان غذاهای دریایی برخوردار است (Peng et al. 2009) و جز گران‌قیمت‌ترین و با ارزش‌ترین ماهیان در کشورهای حوزه خلیج‌فارس به ویژه ایران، کویت و عراق محسوب می‌شود (Azad et al. 2007; Wen et al. 2007). در سال‌های اخیر تحت‌تاثیر صید بی‌رویه و تغییرات اکولوژیکی از قبیل تغییرات شوری و موادمغذی (Saad 1982)، کاهش آب شیرین ورودی به دریا در اثر خشکسالی و همچنین احداث سد در منطقه (Maltby 1994) ذخایر این گونه در خلیج‌فارس به شدت کاهش‌یافته‌است. روند شدید انقراض گونه‌های جانوری در جهان، تنوع ژنتیکی جانوران در ایران را نیز مورد تهدید قرار داده است. به همین دلیل توجه به برنامه‌ریزی در زمینه شناسایی تنوع زیستی و تدوین برنامه‌هایی برای حفاظت از آن، بر اساس قواعد علمی شناخته شده در ژنتیک جمعیت، یک نیاز جدی و فوری کشور می‌باشد (IUCN 2007). امروزه نشانگرهای مبتنی بر DNA به عنوان ابزاری کاربردی برای تعیین تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ های جانوری و گیاهی مورداستفاده قرار می‌گیرند (Zhang et al. 2002). نشانگرهای مولکولی مانند ریزماهواره به طور گسترده برای تجزیه ساختار جمعیت و تعیین روابط ژنتیکی چندین گونه یا جمعیت مورد استفاده قرار می‌گیرد (Wang et al. 2008; Bruno-de-sousa et al. 2011). خصوصیاتی از قبیل سطوح بالای چندشکلی، اندازه نسبتا کوچک، وراثت غالب و مغلوب (Yue et al. 2009)، نیاز به مقدار کم نمونه (Schlotterer 2000; li et al. 2002) و حساسیت بالای PCR برای تجزیه و تحلیل ساختار جمعیت در تعداد زیادی از موجودات، نشانگرهای ریزماهواره را به عنوان نشانگر برتر معرفی کرده است (Dewoody and Avise 2000; Chen et al. 2008). بر این اساس نشانگرهای ریزماهواره می‌توانند برای تجزیه و تحلیل ژنتیک جمعیت و تعیین نژادها بسیار مفید باشند (Dunham 2004). در چند دهه اخیر مطالعات گسترده‌ای با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره و کاربرد آنها در پژوهش‌های آبزیان در دنیا انجام گرفته است. (Rezvani et al. 2008) به بررسی ذخایر ژنتیکی ماهی حلواسفید با استفاده از تکنیک PCR-RFLP در آب‌های خلیج‌فارس و دریای‌عمان پرداختند و گزارش کردند که ژن میتوکندریایی ND5 قادر به تفکیک جمعیت‌های احتمالی حلواسفید نمی‌باشد. (Archangi et al. 2009) با طراحی ۱۵ جایگاه ریزماهواره تنوع ژنتیکی و ساختار ژنتیکی جمعیت ماهی مالوی (*Argyrosomus japonicus*) را در سواحل جنوبی استرالیا بررسی کرده و در بخش تکثیر و پرورش یافته‌های بدست آمده از محیط طبیعی را مورد مقایسه و مطالعه تکمیلی قرار دادند. همچنین Salari Aliabadi et al. (2008) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره ساختار ژنتیکی جمعیت ماهی سوکلا (*Rachycentron canadum*) را در آب‌های خلیج‌فارس و دریای‌عمان بررسی کردند و سه جمعیت از این گونه را اعلام کردند.

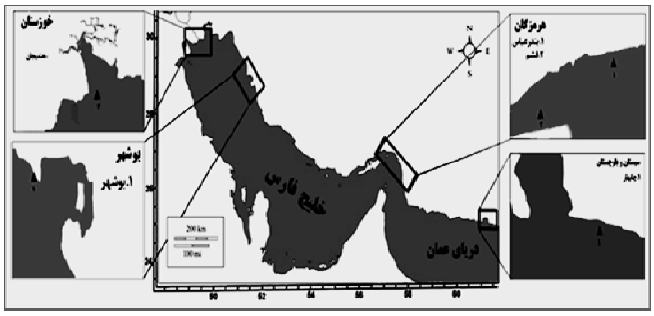
در این پژوهش از ۱۱ جایگاه ریزماهواره به منظور بررسی دقیق‌تر و مطالعات تکمیلی ساختار جمعیت گونه تجاری و با اهمیت شیلاتی حلواسفید که صید آن نیز در سال‌های اخیر دستخوش تغییراتی شده و مورد استفاده شده است. اطلاعات بدست آمده از این پژوهش در جهت مدیریت مشترک و بهره‌برداری پایدار کارآمد و مفید خواهد بود.

مواد و روش‌ها

پس از انتخاب ایستگاه‌های نمونه‌برداری در طول خط ساحلی، تعداد ۱۴۴ عدد ماهی حلوا سفید از استان‌های سیستان و بلوچستان، هرمزگان، بوشهر و خوزستان صید شد (شکل۱). به این صورت که حدود ۳-۲ گرم از باله دمی هر ماهی جدا و تا زمان استخراج DNA در اتانول ۹۶ درصد قرار داده شد. سپس استخراج DNA، با استفاده از روش فنل-کلروفرم انجام گرفت (Hillis et al. 1996). ژنوم استخراجی پس از افزودن ۱۰۰ میکرولیتر آب مقطر استریل تا زمان انجام آزمایش های مربوط در

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]



شکل ۱- مناطق نمونه برداری

فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. کیفیت و کمیت DNA استخراجی، با استفاده از روش الکتروفورز ژل آگارز یک درصد و اسپکتروفتومتر تعیین شد (Sambrook et al. 1989). واکنش زنجیره‌ای پلیمراز برای هریک از ۱۱ آغازگر انجام گرفته و بهترین دمای الحاق برای هر یک از آن‌ها به دست آمد (جدول ۱). محصولات واکنش زنجیره‌ای پلیمراز بر روی ژل پلی اکریل آمید ۸ درصد جداسازی شدند. از نشانگر DNA (Ladder 50 bp Fermentas) به عنوان شاخص برای تعیین اندازه آللی استفاده شد. در ادامه، ژل ها با استفاده از روش نیترات نقره (Bassam et al. 1991) رنگ‌آمیزی شده و پس از تهیه تصویر آنها توسط دستگاه ژل نگار، از نرم‌افزار ONE-DScan برای محاسبات طول قطعات استفاده شد. به منظور تجزیه داده‌های بدست آمده، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و موردانتظار و مقدار F از نرم-افزار Arlequin version 3.11 (Excoffier et al. 2006) استفاده شد. همچنین نرم‌افزارهای Gene pop version 4. (Raymond and Rouesst 2011) و FSTAT version 2.9.3 (Goudet 2002) جهت تعیین فراوانی آللی به کار گرفته شدند. تعادل هاردی-واینبرگ با استفاده از آزمایش Fishers Exact با نرم‌افزار Arlequin محاسبه شد. دندروگرام فاصله ژنتیکی با نرم‌افزار TFPGA (Peakall and Smouse 2005) و درخت موضع‌شناسی تکاملی با استفاده از نرم‌افزار MEGA version 4 (Tamura et al. 2007) ترسیم شد.

نتایج و بحث

در مجموع ۱۱ جایگاه ژنی در این تحقیق استفاده شد که از این تعداد ۹ جایگاه‌ژنی چند شکل بودند. تعداد آلل‌های مربوط به تمامی جایگاه‌های چند شکل در جدول ۱ نشان داده شده است. بیشترین میزان آلل‌ها در جایگاه‌ژنی Par03 با مقدار ۱۷ آلل مشاهده‌شد. میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) در محدوده ۰/۰۶۲-۰/۹۶۷ و مقدار هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) در محدوده ۰/۷۹۳-۰/۹۲ متغیر بود. در سطح مناطق مورد بررسی، تعداد آلل‌های مشاهده شده و مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در جدول ۲ ذکر شده است. انحراف از تعادل هاردی واینبرگ برای تمام جایگاه‌ها در جمعیت محاسبه شد. متوسط میزان تمایز ژنتیکی F_{st} بین نمونه‌های مناطق مورد بررسی بر اساس فراوانی آلل‌ها، ۰/۰۴ به دست آمد. با توجه به نتایج تجزیه و تحلیل واریانس مولکولی (جدول ۳) تقریبا ۹۶ درصد از تنوع درون نمونه‌های مناطق مختلف وجود دارد، ولی تنوع میان مناطق پایین و در حدود ۴ درصد می‌باشد. در این پژوهش به منظور جداسازی، بررسی میزان تنوع ژنتیکی و چندشکلی ماهی حلواسفید از ۱۱ جفت آغازگر استفاده شد. با مطالعات انجام شده، در ۹ جفت جایگاه چند شکل مجموعا ۱۳۱ آلل با میانگین ۱۴/۴ آلل در هر جایگاه مشاهده‌شد که این مقدار از متوسط تعداد آلل‌ها در ماهیان آب شور (۲۰/۶) (Dewoody and Avise 2000) کمتر می‌باشد. این حالت، احتمالا به دلیل جریان ژنی بالا در خلیج فارس و دریای‌عمان، میزان بالای مهاجرت در مولدین ماهی حلواسفید و آمیزش خویشاوندی در محیط نسبتا بسته خلیج‌فارس

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]

جدول ۱- خصوصیات آغازگرهای مورد مطالعه

جایگاه	دمای اتصال (°C)	محدوده آللی	تعداد آلل	واحد تکرار شونده
Par01	۶۰	۳۸۲-۴۶۶	۱۶	(CT)6CCCT)9
Par02	۵۷	۱۲۰-۱۸۲	۱۴	(CT)5GC(GT)10
Par03	۵۷	۲۴۸-۳۴۰	۱۷	(GT)19
Par05	۶۰	۲۶۴-۳۵۰	۱۳	(CA)19
Pa06	۶۰	۱۸۸	۱	(CA)11
Par08	۶۰	۳۸۰-۵۴۴	۱۳	(CA)24
Par12	۶۰	۲۹۲-۳۸۸	۱۳	(AC)9
Par15	تکثیر نشد	تکثیر نشد	-	(AG)18
Par17	۵۷	۲۵۲-۳۵۸	۱۶	(TG)19
Par18	۶۰	۲۰۸-۲۷۴	۱۳	(CA)11
Par20	۵۹	۱۵۲-۱۹۴	۱۳	(GA)13

و دریای‌عمان می‌باشد. در میان مناطق نمونه‌برداری و در تمامی جایگاه‌های ژنی مورد مطالعه میانگین تعداد آلل واقعی ۱۱/۴ و میانگین آلل موثر ۶/۶۸ آلل محاسبه شد. کاهش اندازه آلل موثر را می‌توان در اثر کاهش اندازه جمعیت موثر به حساب آورد. این کاهش احتمالا در اثر عوامل متعددی همچون نامساعد بودن شرایط محیطی، صید و صیادی بیش از اندازه، آلودگی آب، تخریب مکان‌های تخم‌ریزی و تخریب زیستگاه‌ها می‌باشد. از سوی دیگر میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در محدوده ۰/۹۶- ۰/۰۶ با میانگین ۰/۴۰ و هتروزیگوسیتی مورد انتظار در محدوده ۰/۹۲-۰/۷۹ با میانگین ۰/۸۸ به دست آمد. میانگین هتروزیگوسیتی در ماهیان آب شور را ۰/۷۹ گزارش کردند (Dewoody and Avise 2000). این مقدار در پژوهش حاضر دارای میانگین ۰/۴۰۵ می‌باشد که علت این کاهش و کاهش هتروزیگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزیگوسیتی مورد انتظار احتمالا در اثر صید بی‌رویه، آلودگی آب، درون‌آمیزی، وجود آلل-های نول و تغییرات در فاکتورهای فیزیک و شیمیایی و موادمغذی مناطق نمونه‌برداری می‌باشد. به طور کلی این عوامل می‌توانند به مرور زمان سبب کاهش هتروزیگوسیتی در ذخایر شوند (Angel et al. 2001; Ward et al. 2001; Zhao et al. 2005; Abbas et al. 2010). علاوه بر موارد مذکور در خلیج‌فارس و دریای‌عمان معمولا مانعی برای جلوگیری از پراکنش تخم‌ها و لاروهای پلانکتونیک وجود ندارد. همچنین مهاجر بودن گونه احتمالا خود دلیلی برای کاهش هتروزیگوسیتی می‌باشد. از سوی دیگر در تمام مناطق مختلف نمونه‌برداری و در جایگاه‌های ژنی انحراف معنی‌داری از تعادل هاردی واینبرگ مشاهده شد. علت این انحراف را می‌توان به دلیل عدم تعادل پیوستگی آغازگرها، آلل نول و جهش قلمداد شد. علت انحراف از تعادل هاردی- واینبرگ را عدم تعادل پیوستگی آغازگرها، آلل‌های نول و مهاجرت گزارش کردند که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت می-نماید (Aparecida et al. 2011). در تجزیه تمایز ژنتیکی مقدار F_{st} ۰/۰۴ به دست آمد که بیانگر تمایز ژنتیکی پایین، چندشکلی بالا و تنوع ژنتیکی قابل توجه بین‌جمعیت‌ها است. ماهی حلوا سفید به دلیل مهاجر بودن و داشتن جریان ژنی بالا تمایز ژنتیکی پایینی را نشان داده است. به‌طورکلی ماهیان مهاجر دریایی با توانایی پراکنش بالا و اندازه جمعیت موثر بزرگ، سطوح بالایی ازجریان ژنی و مقدار کم تمایز ژنی را نشان می‌دهند (Beheregaray and Sunnnucks 2001; Peng et al. 2009). نتایج حاصل از تجزیه AMOVA نشان داد که تقریبا ۹۶ درصد از تنوع درون نمونه‌های مناطق مختلف (درون‌جمعیت‌ها) وجود دارد. ولی تنوع میان مناطق پایین و در حدود ۴ درصد است (جدول۳). به عبارت دیگر بیشترین جریان ژنی و مهاجرت در بین جمعیت‌های مورد

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]

جدول ۲- تنوع ژنتیکی ۹ جایگاه مورد مطالعه در جمعیت‌های ماهی حلواسفید

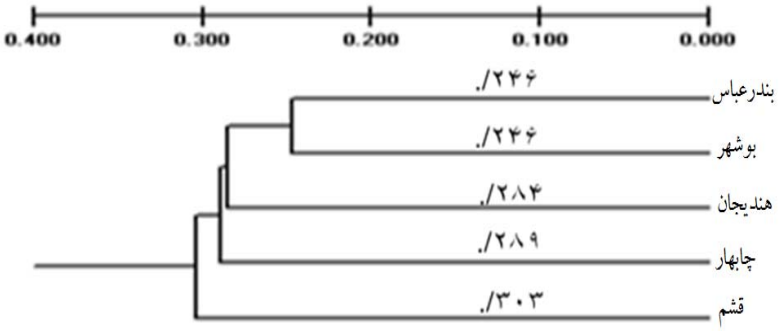
جایگاه	پارامتر	قشم	بندرعباس	بوشهر	هندیجان	چابهار
Par01	A	۱۲	۱۲	۱۲	۱۵	۱۱
	Ho	۰/۶۳	۰/۲۵	۰/۵۰	۰/۰۶	۰/۳۱
	He	۰/۹۰	۰/۸۵	۰/۹۰	۰/۹۱	۰/۸۸
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
Par02	A	۱۲	۱۱	۸	۱۲	۱۴
	Ho	۰/۳۶	۰/۵۹	۰/۱۶	۰/۳۸	۰/۴۰
	He	۰/۸۹	۰/۸۷	۰/۸۲	۰/۸۵	۰/۹۲
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
Par03	A	۱۳	۱۵	۱۵	۱۵	۱۲
	Ho	۰/۱۶	۰/۲۲	۰/۱۶	۰/۲۵	۰/۰۶
	He	۰/۸۸	۰/۹۲	۰/۸۲	۰/۹۲	۰/۸۸
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
Par05	A	۹	۱۱	۱۱	۱۰	۱۳
	Ho	۰/۸۳	۰/۸۸	۰/۶۲	۰/۹۶	۰/۸۱
	He	۰/۸۳	۰/۸۸	۰/۹۷	۰/۸۸	۰/۹۱
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۱
Par08	A	۹	۹	۱۱	۱۲	۱۱
	Ho	۰/۳۶	۰/۲۹	۰/۳۷	۰/۸۷	۰/۴۶
	He	۰/۸۶	۰/۸۷	۰/۸۹	۰/۸۸	۰/۸۶
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
Par12	A	۱۳	۱۲	۱۱	۱۲	۱۱
	Ho	۰/۳۶	۰/۵۰	۰/۳۳	۰/۸۷	۰/۷۸
	He	۰/۸۶	۰/۹۰	۰/۸۷	۰/۸۸	۰/۸۷
	P	۰/۰۰۲	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
Par17	A	۱۳	۱۲	۱۱	۱۲	۱۱
	Ho	۰/۵۳	۰/۲۵	۰/۱۶	۰/۲۲	۰/۲۸
	He	۰/۸۶	۰/۸۹	۰/۸۸	۰/۹۰	۰/۸۹
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
Par18	A	۸	۹	۷	۹	۱۰
	Ho	۰/۴۶	۰/۲۲	۰/۵۸	۰/۵۱	۰/۱۵
	He	۰/۸۶	۰/۸۵	۰/۹۰	۰/۸۷	۰/۷۹
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
Par20	A	۹	۹	۱۱	۱۱	۱۱
	Ho	۰/۱۰	۰/۱۱	۰/۲۹	۰/۲۵	۰/۱۵
	He	۰/۸۷	۰/۸۴	۰/۸۵	۰/۸۷	۰/۸۶
	P	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰

A) تعداد آلل‌ها؛ Ho) هتروزیگوسیتی مشاهده شده؛ He) هتروزیگوسیتی مورد انتظار؛ P) معنی‌داری.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]

جدول ۳- تجزیه و تحلیل واریانس مولکولی AMOVA

معیار تنوع	درصد تنوع	مولفه واریانس	جمع مربع کای	درجه آزادی
بین جمعیت‌ها	۴/۱۷	۰/۱۷۴va (./۰۱۴)	۶۴/۷۳۰	۴
بین افراد	۵۱/۹۷	۲/۱۷۲ vb(./۲۴۰)	۸۵۸/۷۷۴	۱۳۹
درون افراد	۴۳/۸۶	۱/۸۳۳ vc(./۲۰۳)	۲۶۴/۰۰۰	۱۴۴
جمع	۱۰۰	۴/۱۷۹	۱۸۷/۵۰۳	۲۸۷



شکل ۲- دندروگرام فاصله ژنتیکی جمعیت‌های ماهی حلوا سفید.

مطالعه بوده است. علت احتمالا مربوط به وجود تخم‌ها و لاروهای پلاژیک، آمیزش خویشاوندی و مهاجرت‌های گسترده این گونه است که سبب کاهش تنوع بین مناطق شده است. بالاتر بودن تنوع درون‌جمعیتی نسبت به بین‌جمعیتی که در بین جمعیت های مختلف جریان ژنی بالا وجود دارد را ناشی از مهاجرت طبیعی ما بین جمعیت‌ها می‌دانند، که با نتایج پروژه حاضر همخوانی دارد (Diz and Persa 2009). بر طبق دندروگرام فاصله ژنتیکی (شکل۲) نمونه‌های منطقه قشم در یک خوشه و سه منطقه دیگر در خوشه دیگری قرار می‌گیرند. علت اصلی اختلاف بین قشم با سایر مناطق موردمطالعه می‌تواند عمدتا وجود سازش‌های محیطی در منطقه موردمطالعه باشد.

اطلاعات بدست آمده از مطالعه حاضر با استفاده از روش‌های مولکولی به همراه مطالعات بیولوژیکی تکمیلی گونه حلواسفید می‌تواند در ارائه یک سیستم مدیریتی موثر و کاربردی در آینده مورد استفاده قرار گیرد. نتیجه این تحقیق بیانگر این نکته است که می‌توان یک ذخیره واحد و وجود یک جمعیت پانمیکتیک را برای گونه حلواسفید در منطقه خلیج‌فارس و دریای‌عمان با احتمال بالا ارائه کرد.

این نتیجه مسلما روش‌های رایج و معمول شیلات، صید و بهره برداری را مورد تایید قرار نمی‌دهد چرا که ادامه روش‌های رایج صید و صیادی در نهایت باعث تهدید سلامت ژنتیکی گونه مذکور می‌شود و در نهایت می‌تواند منجر به کاهش و نابودی تنوع ژنتیکی، کاهش سازش گونه ماهی حلواسفید به شرایط اکولوژیکی و کاهش مقاومت به تغییرات محیطی شود. هر چند ذخایر ژنتیکی این گونه هنوز در وضعیت بحرانی نمی‌باشد ولی باید توجه داشت که ادامه بهره‌برداری مدیریت نشده از این گونه بدون در نظر گرفتن ملاحظات مدیریتی ژنتیکی و ساختار جمعیتی گونه می‌تواند باعث تحمیل خسارات جبران‌ناپذیری بر ذخیره ژنی باقی‌مانده این گونه در خلیج‌فارس و دریای‌عمان شود. بنابراین به منظور حفظ و حراست این گونه با ارزش دریایی کنترل و ارزیابی ذخائر ژنتیکی چه در محیط‌های طبیعی و چه در محیط‌های تکثیر و پرورشی در آینده یک امر لازم‌الاجرا می‌باشد. در این مهم نشانگرهای ریزماهواره استفاده شده در پروژه حاضر ابزار موثر و کارآمدی به حساب می‌آیند.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]

منابع

Abbas K, Zhou X, Li Y, Gao Z, Wang W (2010) Microsatellite diversity and population genetic structure of yellowcheek, *Elopichthys bambusa* (Cyprinidae) in the Yangtze River. Biochemical Systematics and Ecology 38: 806-812.

Archangi B, Chand V, Mather PB (2009) Isolation and Characterization of 15 polymorphic microsatellite DNA loci from *Argyrosomus japonicas* (mulloway), a new aquaculture species in Australia. Molecular Ecology Resources 9: 412-414.

Azad IS, Al-marzuk A, James CM, Almatar S, Al-Gharabally H (2007) Scutiocociliatosis associated mortalities and histopathology of natural infection in cultured silver pomfret (*Pampus argenteus Euphrasen*) in Kuwiat. Aquaculture 262:202-210.

Angel P, Mercedes G, Philippe L, Concepcion M, Jose A (2006) Effects of fishing protection on the genetic structure of fish populations. Biology and Conservation 129:244-255.

Aparecida A, Tomas A, Wanger A (2011) Evidence for genetic differentiation of Octopus urlgaris (Mollusc, Cephalopoda) of fishery populations from the southren coast of Brazil as revealed by microsatellite. Exprimental Marine Biology and Ecology 407: 34-40.

Bassam BJ, Caetano-Anolles G, Gresshoff GM (1991) Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Analytical biochemistry 84:680-683.

Beheregaray LB, Sunnucks P (2001) Fine-sclae genetic structure, estuarine colonization and incipient speciation in marine silverside fish odontesthes argentinensis. Molecular Ecology 10:2849-2866.

Bruno-de-Sousa C, Martinez AM, Ginja C, Santos-Silva F, Carolino MI, Delgado JV (2011) Genetic diversity and population structure in Portuguese goat breeds. Livest Science 135:131-139.

Chen LLiQ, Yang J (2008) Microsatellite genetic variation in wild and hatchery population of the sea Cucumber (*Apostichopus japonicas* Selenka) form northern china. Aquaculture Research 3:1541-1549.

Dewoody JA, Avise JC (2000) Microsatellite variation in marine, fresh water and anadromus fishes compared with other animals. Fish Ecology 56:461-473.

Dunham RA (2004) Aquaculture and fisheries biotechnology genetic approaches. Canadian Association of Business Incubation Publishing, London pp. 353

Excoffier L, Laval G, Schneider S (2006) Arlequin version 3.11: An Integrated software package for population Genetics Data Analysis. Computational and molecular Population Genetics Lab (CMPG), Institute of zoology University of Berne, Switzerland.

Goudet J (2002) FSTAT, A program to Estmate nd Test Gene Divrsities and Fixation Indices (version 2.9.3). Institute of Ecology, university of Lausanne, Switzerland.

Hillis DM, Moritz C (1996) Sinauer Associates Inc Publishers. Sunderland, Massachusetts. USA Molecular Taxonomy, 120 pp.

IUCN (2007) WRI, World Business Council for Sustainable Development, Earthwatch Inst. Business and Ecosystems: Ecosystem Challenges and Business Implications.

Li YC, Korol AB, Fahima T, Beiles A, Nevo E (2002) Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanismes: review. Molecular Ecology 11: 2453-2465.

Park LK, Moran P (1995) Developments in molecular genetic techniques in fisheries. (eds. Carvalho, G.R. and Pitcher, T.J.). Molecular genetics in Fisheries, London: Chapman and Hall

Peakall M, Smouse A (2005) Gene Alex 6: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Australian National University, Canberra, Australia.

Peng Sh, Shi Z, Hou J, Wang W, Zhang H (2009) Genetic diversity of Silver Pomfret (*Pampus argenteus*) population from the china sea based on mitochondrial DNA control region sequences. Biochemical systematic and Ecology 37: 626-632.

Pujolar JM, Deleo GA, Ciccotti E, Zane L (2009) Genetic Composition of Atlantic and Mediterranean recruits of European eel *Anguilla anguilla* based on EST-linked microsatellite loci. Fish Biology 74: 2034-2046.

Raymond M, Rousset, F (2011) GENEPOP version 4.1: Population Genetics Software for Exact Tests and Ecumenicism. Journal of Heredity 86: 248-249.

Saad MAH (1982) Distribution of nutrient salts in the lower reaches of the Tigris and Euphrates, Iraq. Water Supply and Management 6: 443-453.

Salari Aliabadi MA, Rezvani Gilkolaei S, Savari A, Zolgharnian H, Nabavi SMB (2008) Genetic comparsion of Persian Gulf and Oman sea populations of the Cobia, Rachycentron canadum by means of microsatellite technique. Shilat Iran Page: 9. In Farsi.

Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T (1989) Molecular Cloning: a Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.

Schlotterer C (2000) Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. Chromosoma 109: 365-371.

Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. Molecular Biology and Evolution, 24: 1596-1599. (Publication PDF at http:// www.kumarlab .net/publications).

Wang CM, Lo LC, Zhu ZY, Feng F, Yue GH (2008) Identification and verification of QTL associated with growth traits in two genetic backgrounds of Barramundi (*Lates calcarifer*). Animal Genetics 39: 34-39.

Wen TY, Jian L, Gen HY (2007) Multiplex genotyping of novel microsatellites from silver pomfret (*Pampus argenteus)* and cross-amplification in otherpomfret species. Molecular Ecology Notes 6: 1073-1075

Yue GH, Zhu ZY, Lo LC, Wang CM, Liu G, Feng F, Pang HY, Li J, Gong P, Liu HM, Tan J, Chou R (2009)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]

polymorphic DNA and microsatellite polymorphism on Chinese native chickens. Poultry Scencei 81: 1093-1098
Zhao N, Shao Z, Ai W, Zhu B, Brosse S, Chang J (2005) Microsatellite assessment of Chinese sturgeon (Acipenser sinensis Gray) genetic variability. Ichthyology 21:7-13.

Genetic variation and population structure of Asian seabass (*Lotes calcarifer*) in the Asia-Pacific region. Aquaculture 293: 22-28.
Zhang X, Leurg FC, Chan DKO, Gr Y, WUC (2002) Comparative analysis of allozyme, random amplified

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.2.3]