



<https://tbj.ui.ac.ir/?lang=en>

Taxonomy and Biosystematics

E-ISSN: 2322-2190

Document Type: Research Paper

Vol. 13, Issue 3, No.48, Autumn 2021, P:3

Received: 11/05/2021 Accepted: 28/09/2021

Population Genetic Structure and Genetic Diversity of Cobia (*Rachycentron canadum*) in the Persian Gulf and Makran Sea

Ahmad Ghasemi*

Associate Professor, Department of Biotechnology, Persian Gulf Institute, Persian Gulf University, Bushehr, Iran
aqasemi@gmail.com

Fatemeh Pourjam

MSc, Department of Fisheries, Persian Gulf University, Bushehr, Iran
fatemehpourjam@gmail.com

Abstract

The population structure and genetic diversity of Cobia (*Rachycentron canadum*) fish were studied in the Persian Gulf and Oman Sea using AFLP molecular markers. In the present study, 70 samples were collected from the Persian Gulf (Bushehr, Hendijan, and Dayyer) and 2 regions of the Makran Sea (Bandar Abbas and Chabahar). The results indicated that 557 loci were amplified by 10 pairs of primers and 243 loci showed polymorphism. An average of 43.6% of polymorphic loci was amplified for each primer combination. The genetic average diversity was 0.29. The highest and lowest genetic diversities were observed in the samples obtained from Chabahar (0.37) and Bushehr, respectively. Variance analysis showed that there was a significant difference between the studied populations in terms of genetic diversity. The coefficient of genetic differentiation between the populations (F_{ST}) ranged from 0.024 to 0.204 indicating a low level of gene differentiation within the population in the Persian Gulf, while gene differentiation between the populations in the Persian Gulf and Makran Sea was intermediate. The genetic distance and phylogenetic tree showed a clear pattern of the separation of populations of the Persian Gulf and Makran Sea. Gene flow (Nm) between the populations was measured to be 0.93-10.6 based on the genetic differentiation coefficient between the populations, indicating that there was 1 gene flow between the populations. Therefore, the results of clustering, genetic distance, F_{ST} index, and PCA analysis revealed that the Persian Gulf populations were not separated, but they were separated from Jask and Chabahar populations.

Key words: Genetic diversity, population structure, Persian Gulf, Makran Sea, Cobia.

*Corresponding author

Ghasemi, A., Pourjam, F. (2021). Population Genetic Structure and Genetic Diversity of Cobia (*Rachycentron canadum*) in the Persian Gulf and Makran Sea. *Taxonomy and Biosystematics*, 13(48), 33-46.



2322-2190 / © 2021 The Authors. Published by University of Isfahan

This is an open access article under the BY-NC-ND/4.0/ License (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).



<http://dx.doi.org/10.22108/TBJ.2021.128640.1160>



<https://dorl.net/dor/20.1001.1.20088906.1400.13.48.3.1>

ساختار ژنتیک جمعیت و تنوع ژنتیکی ماهی سوکلا (*Rachycentron canadum*) در خلیج فارس و دریای عمان با روش AFLP

سید احمد قاسمی*، دانشیار گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده خلیج فارس، دانشگاه خلیج فارس، بوشهر، ایران

aqasemi@gmail.com

فاطمه پورجم، کارشناسی ارشد گروه شیلات، دانشگاه خلیج فارس، بوشهر، ایران

fatemehpoujam@gmail.com

چکیده

ساختار جمعیتی و تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ماهی سوکلا معمولی در خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای مولکولی AFLP مطالعه شد. از دو منطقه در خلیج فارس (بوشهر و هندیجان) و دو منطقه در دریای عمان (جاسک و چابهار) تعداد ۷۰ نمونه جمع‌آوری شد. در مجموع ۵۵۷ باند قابل امتیازدهی با استفاده از ۱۰ ترکیب آغازگرهای دو آنزیم EcoRI/MseI به دست آمد که ۲۴۳ عدد از آنها چندشکلی نشان داد. در هر جفت آغازگر، به‌طور متوسط ۴۳/۶ درصد از جایگاه‌ها چندشکلی را نشان دادند. میزان تنوع ژنتیکی ۰/۲۹ بود و بیشترین و کمترین تنوع ژنتیکی به ترتیب به جمعیت چابهار (۰/۳۷) و جمعیت بوشهر (۰/۲۷) تعلق داشت. آنالیز واریانس مولکولی، اختلاف بین جمعیت‌ها را نشان داد. شاخص Fst، بین ۰/۰۲۴ تا ۰/۰۲۲ محاسبه شد که نشان‌دهنده اختلاف ناچیز بین جمعیت‌های درون خلیج فارس است. اختلاف بین جمعیت خلیج فارس و دریای عمان در حد متوسطی بود. فاصله ژنتیکی و رابطه فیلوژنتیکی، الگوی واضحی از جدایی جمعیت‌های خلیج فارس و دریای عمان نشان داد. میزان مهاجرت بین جمعیت‌ها در حد کمی محاسبه شد. به‌طور کلی، نتایج فاصله ژنتیکی، شاخص Fst و نمودار حاصل از آنالیز PCA نشان می‌دهد جمعیت‌های درون خلیج فارس از یکدیگر جدا نیست و نمونه‌های خلیج فارس از جمعیت جاسک و چابهار جدا است.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیت، ماهی سوکلا، خلیج فارس، *Rachycentron canadum*.

* مسئول مکاتبات

قاسمی، سید احمد، پورجم، فاطمه. (۱۴۰۰). ساختار ژنتیک جمعیت و تنوع ژنتیکی ماهی سوکلا (*Rachycentron canadum*) در خلیج فارس و دریای عمان با روش

AFLP. تاکسونومی و بیوسستماتیک ۱۳ (۴۸)، ۳۳-۴۶.



مقدمه

خانواده Rachycentridae یکی از قدیمی‌ترین و ابتدایی‌ترین ماهیان استخوانی و تنها دارای یک گونه به نام کوبیا یا سوکلا (*Rachycentron canadum*) است. ماهی کوبیا سطح‌زی است، رشد سریعی دارد و ساکن مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری و آب‌های گرم معتدل است (Shaffer and Nakamura, 1989). این ماهی در غرب اقیانوس اطلس از ایالت ماساچوست تا آرژانتین، در شرق اقیانوس اطلس تا جنوب آفریقا و در غرب اقیانوس آرام از ژاپن تا استرالیا دیده می‌شود و بیشترین فراوانی را در خلیج مکزیک دارد (Darden *et al.*, 2014). این گونه ماهی در ایران در سراسر دریای عمان، آب‌های سیستان و بلوچستان، هرمزگان و خلیج فارس وجود دارد (Rezvani *et al.*, 2009). این ماهی در جایگاه یکی از گونه‌های بومی خلیج فارس و دریای عمان دارای ارزش زیادی از اسید چرب امگا سه است. در ایران براساس آخرین آمار اعلام‌شده از سازمان شیلات، میزان صید ماهیان سطح‌زی در سال ۱۳۹۵ به میزان ۷۷۰۰ تن و صید اختصاصی ماهی کوبیا در سال ۱۳۹۵ حدود ۳۶۷۰ تن بوده است. صید این ماهی براساس آمارهای جهانی در سال ۲۰۱۵ حدود ۴۷۴۴۴ تن بوده است. ماهی سوکلا در آب‌های ساحلی، نواحی فلات قاره و مصب‌هایی با عمق تا ۲۰۰ متر مشاهده می‌شود. به نظر می‌رسد دما عامل مهمی در پراکنش این گونه است و به‌طور کلی، سوکلا آب‌های گرم با دمای بیشتر از ۲۹ درجه سانتی‌گراد را ترجیح می‌دهد؛ همچنین در خلال ماه‌های سرد سال، نوعی رفتار مهاجرت به سوی مناطق گرم در ماهی سوکلا مشاهده می‌شود و الگوی این مهاجرت شمالی - جنوبی و از نواحی کم‌عمق به سوی نواحی عمیق است (Fatedar

(and Minh Sang, 2011; Darden *et al.*, 2014

ماهی سوکلا دامنه گسترده‌ای از شوری را تحمل می‌کند؛ اما بهترین محدوده شوری برای زیست این گونه ۲۲ تا ۲۴ قسمت در هزار است.

اگرچه ماهی سوکلا از نظر صیادی اهمیت خیلی زیادی ندارد، به دلیل پروتئین زیاد، ارزش اقتصادی فراوانی دارد و به علت کیفیت بسیار خوب گوشت و رشد خیلی سریع، یکی از بهترین گونه‌های دریایی برای آبی‌پروری محسوب می‌شود. ماهی سوکلا برای پرورش در قفس ایده‌نال است و در میان گونه‌های مهم تجاری سریع‌ترین رشد را دارد؛ به طوری که در مناطق گرمسیر مانند تایوان در مدت یک سال به وزن ۶ تا ۱۰ کیلوگرم می‌رسد (Benetti *et al.*, 2021). دلیل رشد سریع و نرخ بازماندگی بسیار، قابلیت زیاد برای پرورش در قفس، امکان پرورش در تراکم زیاد، کیفیت خوب گوشت، ارزش بازاری زیاد و هزینه کم تولید این ماهی در مقایسه با سایر گونه‌ها است که از ویژگی‌های مطلوب آن برای آبی‌پروری به شمار می‌رود (Benetti *et al.*, 2003; Loka *et al.*, 2016; Divya *et al.*, 2019).

خلیج فارس با وجود مشکلات محیطی و اقلیمی شایان توجه، از تنوع زیستی زیادی برخوردار است؛ به طوری که زیستگاه ۳۰۰ تا ۴۵۰ گونه ماهی و بیش از ۱۰۰۰ گونه دیگر از آبزیان به شمار می‌رود و همین موضوع باعث شده است خلیج فارس از نظر تنوع زیستی در ردیف مناطق کم‌نظیر معرفی شود (Tala *et al.*, 2016). در حال حاضر، از تعداد زیادی از ماهیان خلیج فارس بهره‌برداری اقتصادی می‌شود و بیشینه برداشت پایدار ذخایر ماهیان، از اهداف مدیریت شیلاتی و دستیابی به آن نیازمند آگاهی از ذخایر است. جمعیت

ماهیان در بیشتر اکوسیستم‌های جهان، از جمله خلیج فارس و دریای عمان، به علت صید غیر مجاز و غیر قانونی به شدت کاهش یافته است و ذخایر باقی مانده ماهیان هم به دلیل تخریب بسترهای تخم‌ریزی، فشار صید بی‌رویه، صید غیر قانونی و آلودگی با مشکلاتی مواجهند.

به طور عمده، در بین ماهیان دریایی و به ویژه گونه‌های مهاجر، سوکلا به دلیل تبادل ژنتیکی، دارای تنوع ژنتیکی زیاد و فاقد جمعیت‌های مشخص در دریاهای آزاد و اقیانوس‌ها است. خلیج فارس دریایی نیمه‌بسته با شرایط اکوسیستمی خاص (شوری زیاد، دمای بالا و جریان‌ها) است؛ بنابراین محیطی را فراهم کرده است تا در این شرایط گونه‌های دریایی، دارای جمعیت‌های خاص شوند. شناسایی جمعیت ماهیان با ارزشی مانند ماهی سوکلا در خلیج فارس، در راستای حفظ ذخایر، مدیریت شیلاتی و تکثیر و پرورش و بازسازی ذخایر این گونه اهمیت دارد؛ همچنین این اطلاعات در ارتباط با مطالعات سایر گونه‌ها، چگونگی تنوع و جمعیت‌ها در خلیج فارس را مشخص می‌کند.

مطالعات ساختار جمعیتی ماهی سوکلا با روش ریزماهواره نشان داده است که جمعیت‌های متفاوتی از این گونه وجود دارد (Pruitt *et al.*, 2005)؛ همچنین Renshaw و همکاران (۲۰۰۵) به روش ریزماهواره‌ها و Liu و همکاران (۲۰۰۵) به روش RAPD و RFLP جمعیت‌های مجزایی از این گونه ماهی را در آب‌های دریای چین گزارش کردند. مطالعات Liu و همکاران (۲۰۰۸) با استفاده از روش میکروستلایت، تنوع جمعیتی زیادی را در آب‌های جنوبی چین نشان داد. مطالعه Divya و همکاران (۲۰۱۹) در آب‌های هند،

جمعیت‌های مجزا از این گونه را مشخص کرد. Rezvani و همکاران (۲۰۰۹) نخستین مطالعه جمعیتی ماهی سوکلا در آب‌های خلیج فارس و دریای عمان را به روش ریزماهواره انجام دادند و طی مطالعه آنها، سه جمعیت در ناحیه بوشهر، هرمزگان و سیستان مشخص شد. در پژوهش دیگر انجام شده توسط Tala و همکاران (۲۰۱۱)، طی بررسی نمونه‌هایی از خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از روش RFLP، جمعیت خاصی تفکیک نشده است؛ اما در مطالعه دیگر Tala و همکاران (۲۰۱۶) با روش سکانس ناحیه ND1 میتوکندریایی، هاپلو تیپ‌های اختصاصی در نمونه‌های خوزستان مشخص شد؛ اما جمعیت‌های این گونه به طور مشخص جداسازی نشد؛ بنابراین نتایج متفاوت در تعیین ساختار جمعیت‌ها و تنوع ژنتیکی ماهی سوکلا در پژوهش‌های گذشته موجب شد که این پژوهش، به منظور بررسی وجود جمعیت‌های ماهی سوکلا در زیستگاه‌های جنوب کشور با استفاده از AFLP انجام شود. نتایج این پژوهش ممکن است در حفاظت ژنتیکی و برنامه‌های تکثیر و مدیریت ذخایر این گونه کمک کند.

مواد و روش‌ها

نمونه برداری برای این مطالعه، در سال ۹۴ از صیدگاه‌های چابهار (۲۰ عدد)، جاسک (۲۰ عدد)، بوشهر (۱۰ عدد)، بندر دیر (۱۰ عدد) و هندیجان (۱۰ عدد) انجام شد. از هر ماهی، از باله دمی حدود دو گرم بافت جدا و در الکل ۹۶ درصد تثبیت و سپس به آزمایشگاه منتقل شد.

استخراج DNA با استفاده از روش CTAB انجام شد (Mirimin and Wilding, 2015)؛ به طوری که

ابتدا قطعاتی در حدود ۵۰ میلی گرم از بافت باله جدا شد؛ سپس قطعات به وسیله قیچی پودر و ۶۳۰ میکرولیتر از بافر CTAB (CTAB دو درصد، تریس ۱۰۰ میلی مولار، NaCl ۷۰۰ میلی مولار، EDTA ۵۰ میلی مولار و ۲-مرکاپتواتانول ۱۴۰ میلی مولار با pH=7.5 و از پیش گرم شده با دمای ۶۵ درجه سانتی گراد)، ۷۰ میکرولیتر از SDS ۱۰ درصد و همچنین ۷ میکرولیتر پروتئیناز K به آن افزوده و به مدت یک شب در دمای ۵۵ درجه سانتی گراد انکوبه شد. پس از لیز شدن کامل نمونه، ابتدا ۲۴۰ میکرولیتر NaCl ۵ مولار و ۳ میکرولیتر بتا-مرکاپتواتانول به آن اضافه و به مدت ۱۵ دقیقه در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد گذاشته شد؛ در ادامه نمونه ها خشک و ۲۵۰ میکرولیتر کلروفرم به آنها اضافه و به مدت ۵ دقیقه شیک شد؛ سپس در ۱۳۰۰۰ دور در دقیقه به مدت ۱۰ دقیقه سانتریفیوژ شد. محلول رویی به میکروتیوب انتقال داده و ۷۰۰ میکرولیتر ایزوپروپانول سرد ۲۰- درجه سانتی گراد به آن اضافه شد؛ سپس به مدت ۱۰ دقیقه در ۱۳۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ شد. محلول رویی دور ریخته شد؛ سپس رسوب با ۵۰۰ میکرولیتر اتانول ۷۰ درصد شستشو داده و صبر شد تا پلت خشک شود و در نهایت، به هر نمونه ۱۰۰ میکرولیتر آب مقطر اضافه شد. کمیت نمونه ها با استفاده از روش اسپکتوفتومتری و کیفیت نمونه ها با استفاده از ژل آگارز یک درصد تعیین شد.

روش AFLP بر پایه روش Vos و همکاران (۱۹۹۵) با کمی تغییرات انجام شد. ۳۰۰ نانوگرم DNA ژنومی با ۱۰ واحد از آنزیم EcoRI و ۳ واحد از آنزیم MseI (شرکت فرماتاز، آلمان) در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد به مدت ۲ ساعت و به دنبال آن ۲ ساعت در دمای ۶۵

درجه سانتی گراد هضم شد. اتصال دو آداپتور به قطعات هضم شده در دمای ۲۰ درجه سانتی گراد پس از اضافه کردن ۵ پیکومول از آداپتور EcoRI و ۵۰ پیکومول از آداپتور MseI و یک یونیت از آنزیم T4 لیگاز در حجم نهایی انجام شد؛ سپس به هر نمونه، ۶۰ میکرولیتر آب مقطر اضافه شد. واکنش PCR پیش انتخابی در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر با ۲۵ میکرومول MgCl₂، ۱۲ پیکومول از هر پرایمر +۱ توالی آغاز گر، ۴۰۰ میکرومولار از dNTPs، ۲ واحد از آنزیم Taq Polymerase (شرکت سینازن) و ۵ میکرولیتر محصول اتصال یافته با شرایط دمایی انجام شد. برای واکنش PCR انتخابی از جفت آغاز گر +۳ استفاده شد. واکنش انتخابی در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر با ۲۵ میکرومول MgCl₂، ۱۰ پیکومول از هر آغاز گر +۳، ۲۰۰ میکرومولار از dNTPs، ۱ واحد از آنزیم Taq Polymerase (شرکت سینازن) و ۵ میکرولیتر محصول رقیق شده پیش انتخابی (محصول پیش انتخابی ۱:۴ رقیق شده) با ۱۰ سیکل و شرایط دمایی ۹۴ درجه سانتی گراد ۳۰ ثانیه، ۶۴ درجه سانتی گراد ۴۰ ثانیه با یک درجه کاهش در هر سیکل و ۷۲ درجه سانتی گراد برای ۶۰ ثانیه و ۲۵ سیکل شامل ۹۴ درجه سانتی گراد ۳۰ ثانیه، ۵۴ درجه سانتی گراد ۴۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی گراد برای ۶۰ ثانیه انجام شد. قطعات DNA تکثیر شده، روی ژل پلی اکریلامید ۶ درصد دنا توره جدا شد. الکتروفورز به مدت ۲/۵ ساعت با بافر 1x TBE و ولتاژ ۱۲۰۰ ولت و رنگ آمیزی به روش نیترا نقره صورت گرفت (Pourkazemi, 1996).

درجه سانتی گراد هضم شد. اتصال دو آداپتور به قطعات هضم شده در دمای ۲۰ درجه سانتی گراد پس از اضافه کردن ۵ پیکومول از آداپتور EcoRI و ۵۰ پیکومول از آداپتور MseI و یک یونیت از آنزیم T4 لیگاز در حجم نهایی انجام شد؛ سپس به هر نمونه، ۶۰ میکرولیتر آب مقطر اضافه شد. واکنش PCR پیش انتخابی در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر با ۲۵ میکرومول MgCl₂، ۱۲ پیکومول از هر پرایمر +۱ توالی آغاز گر، ۴۰۰ میکرومولار از dNTPs، ۲ واحد از آنزیم Taq Polymerase (شرکت سینازن) و ۵ میکرولیتر محصول اتصال یافته با شرایط دمایی انجام شد. برای واکنش PCR انتخابی از جفت آغاز گر +۳ استفاده شد. واکنش انتخابی در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر با ۲۵ میکرومول MgCl₂، ۱۰ پیکومول از هر آغاز گر +۳، ۲۰۰ میکرومولار از dNTPs، ۱ واحد از آنزیم Taq Polymerase (شرکت سینازن) و ۵ میکرولیتر محصول رقیق شده پیش انتخابی (محصول پیش انتخابی ۱:۴ رقیق شده) با ۱۰ سیکل و شرایط دمایی ۹۴ درجه سانتی گراد ۳۰ ثانیه، ۶۴ درجه سانتی گراد ۴۰ ثانیه با یک درجه کاهش در هر سیکل و ۷۲ درجه سانتی گراد برای ۶۰ ثانیه و ۲۵ سیکل شامل ۹۴ درجه سانتی گراد ۳۰ ثانیه، ۵۴ درجه سانتی گراد ۴۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی گراد برای ۶۰ ثانیه انجام شد. قطعات DNA تکثیر شده، روی ژل پلی اکریلامید ۶ درصد دنا توره جدا شد. الکتروفورز به مدت ۲/۵ ساعت با بافر 1x TBE و ولتاژ ۱۲۰۰ ولت و رنگ آمیزی به روش نیترا نقره صورت گرفت (Pourkazemi, 1996).

روش AFLP بر پایه روش Vos و همکاران (۱۹۹۵) با کمی تغییرات انجام شد. ۳۰۰ نانوگرم DNA ژنومی با ۱۰ واحد از آنزیم EcoRI و ۳ واحد از آنزیم MseI (شرکت فرماتاز، آلمان) در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد به مدت ۲ ساعت و به دنبال آن ۲ ساعت در دمای ۶۵

آنالیز آماری

تحلیل داده‌های AFLP: هریک از قطعات DNA تکثیر شده، یک صفت در نظر گرفته و حضور داشتن و نداشتن آنها به ترتیب با اعداد یک و صفر نمایش داده شد. پس از ورود داده‌ها به نرم‌افزار Excel، ماتریس شباهت و تجزیه خوشه‌ای به کمک ضریب تشابه Nei (۱۹۷۲) و روش UPGMA با نرم‌افزار Ntsys2.02 محاسبه شد (Rohlf, 2000). برای تعیین میزان پلی مورفیسم و شاخص تنوع ژنی در هر جمعیت از نرم‌افزار استفاده شد. تجزیه براساس محورهای مختصات PCoA با استفاده از نرم‌افزار GenALEX 6.1 انجام شد (Peakall and Smouse, 2012). ماتریس شباهت ژنتیکی بین جمعیت‌ها نیز براساس ضریب Nei (۱۹۷۲) به دست آمد؛ همچنین تجزیه واریانس مولکولی AMOVA با ۹۹۹ نمونه برداری مجدد تصادفی (permutation) صورت گرفت و در نهایت، شاخص (Wright's F statistics) Fst برای تعیین تنوع کل و Fst هر جمعیت و جدول آنالیز واریانس مولکولی با نرم‌افزار Arlequin 3.5

محاسبه شد (Excoffier and Lischer, 2010). براساس Fst به دست آمده برای هر جمعیت، میزان جریان ژنی (Nm) طبق فرمول $Nm = ((1/Fst) - 1)/4$ محاسبه شد؛ به طوری که N تعداد افراد در یک جمعیت و m سهم آن افراد از میزان مهاجرت است.

نتایج

در بررسی ۷۰ نمونه از ماهی سوکلا با روش AFLP و با استفاده از ۱۰ جفت آغازگر، در مجموع ۵۵۷ باند قابل ارزش دهی در میان ۵ منطقه نمونه برداری مشخص شد. میانگین تعداد قطعات تکثیر شده به ازای هر جفت پرایمر، ۴۱/۷۱ باند بود؛ به طوری که از این تعداد باند، ۲۴۳ باند چندشکل بود و میانگین باندهای چندشکل ۴۳/۶۲ درصد محاسبه شد (جدول ۱). تعداد جایگاه چندشکل در هر آغازگر از ۲۱ تا ۳۵ با میانگین ۲۴/۳ جایگاه بود و بیشترین درصد جایگاه چندشکل با ۵۳/۸ درصد به جفت پرایمر E-AGG/M-CAA اختصاص داشت (جدول ۱).

جدول ۱- تعداد باند و درصد چندشکلی حاصل از ۱۰ جفت آغازگر در آنالیز AFLP برای ماهی سوکلا

	E-AGG/M-	E-AAG/M-	E-AAG/M-	E-AAG/M-	E-AAG/M-	E-ACA/M-	E-ACT/M-	E-AAG/M-	E-ACA/M-	E-ACT/M-	مجموع
	CAA	CTC	CAT	CAT	CAC	CAG	CAA	CTC	CAA	CAT	
تعداد جایگاه	۶۵	۵۵	۴۲	۴۶	۵۸	۶۳	۷۸	۴۹	۶۵	۳۶	۵۵۷
تعداد جایگاه پلی مورف	۳۵	۳۱	۲۱	۲۳	۲۱	۳۲	۲۱	۲۲	۱۹	۱۸	۲۴۳
درصد چندشکلی	۵۳/۸	۵۶	۵۰	۵۰	۳۶	۵۰/۱	۲۶/۹	۴۴/۸	۲۹/۲	۵۰	۴۳/۶

کمترین میزان این دو شاخص (۰/۲۳ و ۰/۳۵) در جمعیت هنديجان محاسبه شد؛ همچنین از نظر آماری اختلاف معنی داری بین شاخص های تنوع ژنتیکی در جمعیت های جاسک و چابهار با جمعیت های بوشهر و هنديجان مشاهده شد ($P < 0.01$).

شاخص های تنوع ژنتیکی و میزان چندشکلی برای هر جمعیت در نرم افزار GenAlex6.5 محاسبه شد و نتایج در جدول ۲ مشاهده می شود. تنوع ژنتیکی (He) در کل جمعیت ها برابر با ۰/۲۸ بود. بیشترین میزان تنوع ژنتیکی و شاخص شانن (I) به ترتیب به میزان ۰/۳۶ و ۰/۵۴ در جمعیت چابهار مشاهده شد؛ در حالی که

جدول ۲- مشخصات مکان های نمونه برداری از ماهی سوکلا، تعداد نمونه و شاخص های تنوع ژنتیکی به دست آمده با روش AFLP

جمعیت	N	Ne	Na	I	He	uHe
هنديجان	Mean	۱۰	۱/۳۹	۱/۴۲	۰/۳۴	۰/۲۴
	SE	۰	۰/۰۲	۰/۰۶	۰/۰۲	۰/۰۱
بوشهر	Mean	۱۰	۱/۳۹	۱/۵۶	۰/۳۵	۰/۲۴
	SE	۰	۰/۰۲	۰/۰۵	۰/۰۲	۰/۰۱
دیر	Mean	۱۰	۱/۴۴	۱/۶۵	۰/۴	۰/۲۷
	SE	۰	۰/۰۲	۰/۰۵	۰/۰۲	۰/۰۱
جاسک	Mean	۲۰	۱/۵۷	۱/۹۹	۰/۵۲	۰/۳۵
	SE	۰	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۱
چابهار	Mean	۲۰	۱/۶۱	۱/۹۷	۰/۵۴	۰/۳۷
	SE	۰	۰/۰۲	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۰۱

N: تعداد نمونه، Na تعداد الل، Ne تعداد الل مؤثر، I شاخص شانن، He هتروزیگوستی مورد انتظار

و کمترین فاصله ژنتیکی بین هنديجان و بوشهر (۰/۰۴۵) مشاهده شد (جدول ۳).

فاصله ژنتیکی و شباهت ژنتیکی بین جمعیت ها براساس شاخص Nei نشان داد بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت چابهار و بوشهر به میزان ۰/۱۴۶ وجود دارد

جدول ۳- ماتریس شباهت و اختلاف ژنتیکی بین ۶ جمعیت ماهی سوکلا (مثلث بالا شباهت و مثلث پایین فاصله ژنتیکی). خط تفکیک کننده تیره شده است.

چابهار	جاسک	دیر	بوشهر	هندیجان	
۰/۸۷۰	۰/۸۹۰	۰/۹۲۰	۰/۹۵۶		هندیجان
۰/۸۶۴	۰/۸۸۲	۰/۹۱۸		۰/۰۴۵	بوشهر
۰/۹۰۱	۰/۹۲۵		۰/۰۹۵	۰/۰۵۳	دیر
۰/۹۷۲		۰/۰۷۸	۰/۱۲۶	۰/۱۱۷	جاسک
	۰/۰۲۶	۰/۱۰۴	۰/۱۴۶	۰/۱۳۹	چابهار

و اختلاف بین گروهها ۱۴ درصد بود؛ همچنین سهم اختلاف بین جمعیت‌های درون هر گروه ۴ درصد محاسبه شد (جدول ۴).

نتایج اولیه نشان داد بیشتر سهم تنوع ژنتیکی مربوط به تنوع درون گونه است. آنالیز واریانس نشان داد در مجموع سهم تنوع درون جمعیتی از تنوع بین جمعیت‌ها بیشتر است. تنوع درون جمعیت‌ها ۸۳ درصد

جدول ۴- آنالیز واریانس مولکولی برای ۸۰ نمونه، ۵ منطقه نمونه برداری جمعیت و دو گروه در جمعیت‌های ماهی سوکلا با روش AFLP.

Source	df	SS	Est. Var.	%
Among Regions	۱	۳۸۴/۵	۷/۶۹	۱۴
Among Pops	۴	۷۱/۵	۲/۰۴	۴
Within Pops	۷۴	۴۵/۹	۴۵/۹	۸۲

جمعیت‌های چابهار و بندرعباس دیده نشد ($p > 0.01$). شاخص جدایی جمعیت (Fst)، در سطح ۹۹ درصد نشان داد بین نمونه‌های خلیج فارس با دریای عمان اختلاف معنی داری وجود دارد ($p < 0.01$) و جمعیت‌های متمایزی هستند (جدول ۵).

شاخص جفتی Fst بین جمعیت‌های مختلف ماهی سوکلا نشان داد اختلاف معنی داری بین جمعیت جاسک و چابهار با جمعیت‌های داخل خلیج فارس وجود دارد ($p < 0.01$)؛ اما اختلاف معنی داری بین جمعیت‌های هندیجان، بوشهر و دیر وجود ندارد ($p > 0.01$)؛ همچنین اختلاف معنی داری بین

جدول ۵- شاخص جفتی Fst (داده‌های پایین) و حد معنی‌دار بودن (داده‌های بالا) ۵ منطقه نمونه‌برداری در خلیج فارس و دریای عمان براساس داده‌های AFLP

چابهار	جاسک	دیر	بوشهر	هندیجان	
۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۴۲	۰/۰۷		هندیجان
۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۴		۰/۰۵۱	بوشهر
۰/۰۱	۰/۰۲		۰/۰۹۳	۰/۰۷۵	دیر
۰/۱۳		۰/۱۱۲	۰/۱۶۴	۰/۱۷۳	جاسک
	۰/۰۲۴	۰/۱۵۹	۰/۱۹۷	۰/۲۰۹	چابهار

کمترین میزان جریان ژنی (۱/۲۶) بین جمعیت چابهار و هندیدجان وجود داشت؛ همچنین نتایج نشان داد میزان جریان ژنی با میزان فاصله جغرافیایی جفت جمعیت‌ها رابطه عکس دارد.

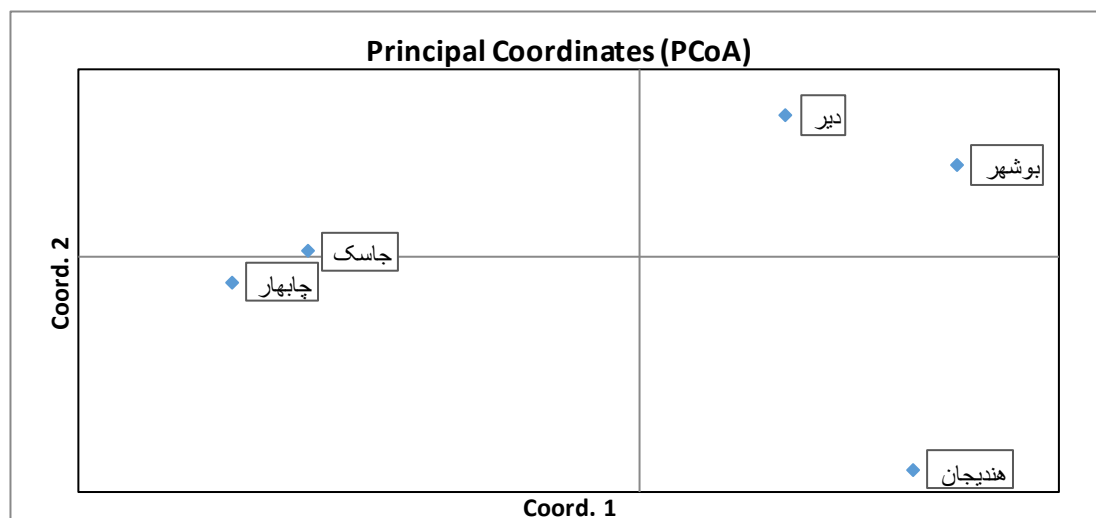
جریان ژنی براساس رابطه $Nm = ((1/Fst) - 1) / 4$ محاسبه شد (جدول ۶). میزان جریان ژنی از کم (۰/۹۴) تا متوسط (۱۱) متغیر بود و بیشترین جریان ژنی بین جمعیت‌های چابهار و جاسک (۱۰/۳۸) مشاهده شد.

جدول ۶- میزان Nm بین جفت مناطق نمونه‌برداری ماهی سوکلا در خلیج فارس و دریای عمان

چابهار	جاسک	دیر	بوشهر	هندیجان	
				۰	هندیجان
				۴/۶۵	بوشهر
			۲/۴	۳/۰۸	دیر
		۱/۹۸	۱/۲۷	۱/۱۷	بندرعباس
	۱۰/۱۶	۱/۳۲	۱/۰۲	۰/۹۴	چابهار

گروهی جداگانه قرار می‌گیرند (شکل ۱) و به‌طور کلی نشان‌دهنده آن است که جمعیت‌های دریای عمان و خلیج فارس از یکدیگر متمایز هستند.

نمودار دوبعدی تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی بیانگر آن است که جمعیت‌های جاسک و چابهار در کنار هم و جمعیت‌های هندیدجان، بوشهر و دیر در



شکل ۱- رابطه ژنتیکی میان ۵ گروه مطالعه شده ماهی سوکلا با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (مؤلفه اول و دوم در مجموع ۱۸ درصد اختلاف ژنتیکی را در بر می‌گیرند).

ماهی زمین کن (*Platycephalus indicus*) (Fekrandish et al., 2015) درصد چندشکلی بیشتری مشاهده می‌شود. نتایج نشان داد میزان پلی مورفیسم در ماهی سوکلا در خلیج فارس نسبت به جمعیت‌های این گونه در سایر نقاط دنیا کمتر است که ممکن است ناشی از شرایط اکولوژیکی خلیج فارس، ارتباط محدود با آب‌های آزاد، دما و شوری زیاد باشد؛ اگرچه کمی چندشکلی در سایر ماهیان خلیج فارس نیز گزارش شده است.

هتروزیگوسیتی و تنوع ژنتیکی

بر اساس میانگین شاخص‌های شانن و تنوع ژنتیکی به دست آمده در این پژوهش برای ماهی سوکلا، بیشترین تنوع ژنتیکی (۰/۳۷) و شاخص شانن (۰/۵۴) در جمعیت چابهار بود و کمترین تنوع ژنتیکی و شاخص شانن در ایستگاه بوشهر (به ترتیب ۰/۲۳ و ۰/۳۵) به دست آمد. اختلاف معنی‌داری بین شاخص‌های تنوع در جمعیت‌های خلیج فارس و دریای

بحث

با ۱۰ آغازگر به کاررفته، در مجموع ۵۵۷ باند قابل امتیازدهی در محدوده ۵۰ تا ۸۰۰ جفت باز ایجاد شد. از این تعداد باند، ۲۴۳ باند چندشکلی نشان داد. میانگین تعداد باندهای تکثیرشده به ازای هر جفت آغازگر ۴۱/۷۱ و میانگین تعداد باندهای چندشکل به ازای هر جفت آغازگر ۲۴/۳ بود. درصد چندشکلی جایگاهها ۴۳ درصد بود. در مقایسه با دیگر ماهیان، از جمله ماهی *Larimichthys polyactis* (۷۵ درصد تنوع بانندی) (Han et al., 2009)، ماهی *Tachypleus tridentate* (۷۸ درصد تنوع بانندی) (Xu et al., 2011)، ماهی *Pleuronectes yokohamae* (۷۲ درصد تنوع بانندی) (Zhang et al., 2012) و ماهی *Perinereis aibuhitensis* (۷۹ درصد تنوع بانندی) (Liu et al., 2015)، درصد چندشکلی کمتر است؛ اما در مقایسه با ماهیان خلیج فارس مانند ماهی سنگسر (Salari et al., 2013)، ماهی حلواسیاه (*Parastromateus niger*) (Sharifi et al., 2012) و

در این ناحیه را به فرصت بیشتر برای تکثیر طبیعی، بهره‌برداری بهینه از منابع شیلاتی و تخریب‌نشدن زیستگاههای طبیعی نسبت دادند. کمترین مقدار هتروزیگوسیتی در نمونه‌های مناطق بریس چابهار بندر دیر دیده شد که علت آن در بریس چابهار بهره‌برداری‌نشدن بهینه از منابع شیلاتی و در بندر دیر تخریب زیستگاههای طبیعی ناشی از توسعه پارس جنوبی و تأسیسات عسلویه است. نتایج ما تنوع ژنتیکی در منطقه چابهار را همانند بندرعباس نشان داد. دریای عمان به دلیل مهاجرت و ارتباط با جمعیت‌های دیگر در کرانه‌های هند دارای تنوع خوبی است؛ همچنین جمعیت مناطق جاسک به دلیل شرایط اکولوژیک مناسب در این منطقه و ارتباط با جمعیت‌های دریای عمان تنوع زیادی دارد. جمعیت‌های درون خلیج فارس ماهی سوکلا همانند سایر گونه‌های ماهیان به دلیل شرایط بسته‌بودن و ارتباط کمتر با جمعیت‌های دیگر دارای تنوع کمتری است که در مطالعه Rezvani و همکاران (۲۰۰۹) در منطقه بوشهر و دیر نیز نتایج مشابهی به دست آمده است.

ساختار جمعیت ماهی سوکلا در خلیج فارس و دریای عمان

ماتریکس فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها بر مبنای معیار ژنتیکی ضریب Nei (۱۹۸۷) نشان داد بیشترین فاصله ژنتیکی بین ماهیان دیر و چابهار وجود دارد و کمترین فاصله ژنتیکی بین ماهیان هندیجان و بوشهر است که با فاصله جغرافیایی زیاد میان آنها و وجود جریان ژنی کم مطابقت دارد. آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) اختلاف بین ۵ جمعیت را ۱۸ درصد و اختلاف درون جمعیتی را ۸۲ درصد نشان داد. اختلاف

عمان وجود دارد؛ همچنین درصد باندهای چندشکل در نمونه‌های چابهار ۸۹/۸ درصد بود؛ در حالی که در نمونه‌های بوشهر ۸۶/۲۳ درصد محاسبه شد که اختلاف چندانی با هم ندارند ($P < 0.01$). دامنه هتروزیگوسیتی و تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های گونه‌های مختلف ماهیان در خلیج فارس متنوع است؛ برای مثال تنوع ژنتیکی ماهی حلوا سیاه ۰/۳۸۱±۰/۱۶ (Sharifi et al., 2012) و تنوع ژنتیکی ماهی سنگسر معمولی در منطقه بندرعباس ۰/۲۳۹ و در منطقه آبادان با مقدار ۰/۳۳۱ گزارش شده است (Salari et al., 2013)؛ همچنین در بررسی دیگری در ماهی زمین کن دمنواری با نشانگر AFLP توسط Fekrandish و همکاران (۲۰۱۵)، جمعیت بحرکان و بندرعباس در مقایسه با ۴ جمعیت دیگر در خلیج فارس (خورموسی، شیف، مطاف و چارک) تنوع هتروزیگوسیتی و میزان پلی مورفیسم کمتری را نشان داد. در ماهی شوریده، تنوع ژنتیکی در حد ۰/۳۳ گزارش شده است (Ghasemi et al., 2018). میزان تنوع ژنتیکی به دست آمده برای ماهی سوکلا در حد متوسط است؛ این مقدار برای مارک‌های غالب در حد نرمال است؛ همچنین در مقایسه با سایر گونه‌های ماهی تاکنون گزارش شده در خلیج فارس، بیشتر است. میزان تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های داخل خلیج فارس کمتر از جمعیت‌های دریای عمان است. مطالعه Rezvani و همکاران (۲۰۰۹) نیز تأییدکننده این نتایج است.

در مطالعه Rezvani و همکاران (۲۰۰۹) بیشترین مقدار هتروزیگوسیتی در نمونه‌های ناحیه هرمزگان مناطق بندرعباس و لنگه دیده شد که نشانه مناسب بودن ساختار جمعیت در این ناحیه نسبت به جمعیت‌های سایر نواحی نمونه‌برداری است و ایشان دلیل زیادبودن تنوع

و چابهار است؛ اما اختلاف معنی داری بین جمعیت‌های داخل خلیج فارس مشاهده نشد. این نتایج با داده‌های فاصله ژنتیکی نیز مطابقت دارد. این مسئله ممکن است ناشی از مهاجرت جمعیت‌های این گونه بین مناطق مطالعه شده باشد. در مطالعه Divya و همکاران (۲۰۱۹) اگرچه بعضی از جمعیت‌ها مجزا هستند، میزان شاخص F_{st} در بین جمعیت‌ها در سطح کمی گزارش و مهاجرت زیاد بین جمعیت‌ها دلیل کم بودن میزان تمایز بیان شده است. در مطالعه Rezvani و همکاران (۲۰۰۹) میزان R_{st} بین بوشهر با کلیه مناطق به غیر از منطقه دیر اختلاف معنی داری را نشان می‌دهد و جمعیت ماهی سوکلای منطقه بندرعباس نیز با چابهار و بوشهر اختلاف معنی داری دارد. براساس نتایج سه جمعیت بوشهر، جاسک و چابهار، ماهیان دریایی به طور معمول سطح کمی از اختلاف ژنتیکی را به دلیل پتانسیل پراکنش تخم و لاروپلانکتونی (مرحله بلوغ به همراه وجودداشتن سدهای فیزیکی برای پراکنش بین مناطق هم‌جوار) نشان می‌دهند (Ye et al., 2010; Divya et al., 2019). جمعیت‌های متفاوت از ماهیان در خلیج فارس نسبت به دریای عمان در گونه‌های دیگر گزارش شده است (Ghanbarifardi et al., 2018)؛ اما در جمعیت‌های ماهیان با قابلیت مهاجرت زیاد مانند ماهی شیر (*Scomberomorus commerson*)، تفاوتی از نظر جمعیت‌ها در خلیج فارس و دریای عمان گزارش نشده است (Mansourkiaei et al., 2016). نتایج PCoA نشان داد جمعیت‌های هندیدجان، دیر و بوشهر در کنار هم و بندرعباس و چابهار در گروهی جداگانه قرار می‌گیرند؛ بنابراین براساس شاخصه‌های ژنتیکی گفته می‌شود که ماهی سوکلا در آب‌های خلیج فارس و دریای عمان دارای جمعیت‌های مجزا است و به نظر

درون جمعیتی ممکن است به دلیل تفاوت ژنتیکی بین افراد باشد. در الگوی کلی ساختار ژنتیک جمعیت، اختلاف ژنتیکی درون جمعیتی در ماهیان دریایی بیشتر از اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌هاست که همان‌گونه که بیان شد ممکن است ناشی از موانع اقیانوسی یا اکولوژیکی باشد که باعث جلوگیری از پراکنندگی می‌شود (Lin et al., 2009; Qian et al., 2011). جریان ژنی بین جمعیت‌های بررسی شده از مقادیر کم (۰/۹۴) تا زیاد (۱۰/۶) متغیر بود. جمعیت‌های دارای فاصله جغرافیایی کم، جریان ژنی زیادی دارند؛ بر این اساس بیشترین جریان ژنی بین جمعیت بندرعباس و چابهار وجود داشت و کمترین میزان جریان ژنی بین جمعیت هندیدجان و چابهار بود و در پژوهش حاضر ۰/۹۴ محاسبه شد. براساس گزارش Liu و همکاران (۲۰۰۷) هرگاه $Nm > 1$ باشد، جریان ژنی اصلی‌ترین عامل در کمی تمایز ژنتیکی است و هرگاه $Nm < 1$ باشد، رانش ژنی عامل اصلی ایجاد تمایز ژنتیکی می‌شود. میزان جریان ژنی در پژوهش فعلی هرچند در حد زیادی نیست، همین مقدار هم نشان‌دهنده این است که مقدار متوسط مهاجرت مؤثر بین جمعیت‌ها وجود دارد. این جریان ژنی ممکن است ناشی از مهاجرت ماهی سوکلای بالغ یا از طریق تخم و لاروپلاژیک باشد (Smith-Vaniz, 1984).

فاکتور F_{st} توصیف‌کننده تمایز جمعیت‌ها در سطوح مختلف ساختار ژنتیکی است. میزان F_{st} از ۰/۲۴ تا ۰/۲۱ محاسبه شد. در بررسی حاضر، کمترین مقدار F_{st} بین جمعیت بوشهر و هندیدجان (۰/۰۲۴) و بیشترین مقدار F_{st} بین جمعیت چابهار و هندیدجان (۰/۲۱) محاسبه شد. نتایج نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی بین جمعیت بوشهر، هندیدجان و دیر با جمعیت‌های جاسک

می‌شود که جمعیت‌های داخل خلیج فارس از جمعیت‌های بندرعباس و چابهار متفاوت است و دلیل وجود جمعیت در خلیج فارس برای گونه‌ای بزرگ و پلاژیک ممکن است به دلیل شرایط خاص خلیج فارس باشد.

می‌رسد جریان ژنی بین جمعیت‌ها متأثر از فاصله جغرافیایی، تمایز جمعیت‌ها را افزایش دهد. نتایج پژوهش حاضر نشان داد آنالیز ژنتیکی براساس تکنیک مولکولی AFLP روشی مناسب برای بررسی روابط ساختار جمعیت‌های ماهی سوکلا در خلیج فارس و دریای عمان است. براساس نتایج حاصل گفته

منابع

- Benetti, D. D., Alarcon, J. F., & Stevens, O. M. (2003). Advances in hatchery and grow-out technology of marine finfish candidate species for offshore aquaculture in the Caribbean. *Proceedings of the Gulf and Caribbean Fisheries Institute*, 54: 473-487.
- Benetti, D. D., Suarez, J., Camperio, J., Hoenig, R. H., Tudela, C. E., Daugherty, Z., & Stieglitz, J. D. (2021). A review on Cobia *Rachycentron canadum* aquaculture. *Journal of the World Aquaculture Society*. 10.1111/jwas. 12810
- DeWoody, J. A. and Avise, J. C. (2000). Microsatellite variation in marine, freshwater, and anadromous fishes compared to other animals. *Journal of Fish Biology*, 56:461-473.
- Divya, P. R., Linu, J., Mohitha, C., Kathirvelpandian, A., Manoj, P., Basheer, V. S., & Gopalakrishnan, A. (2019). Deciphering demographic history and fine-scale population structure of cobia, *Rachycentron canadum* (Pisces: Rachycentridae), using microsatellite and mitochondrial markers. *Marine Biodiversity*, 49(1), pp. 381-393.
- Excoffier, L. & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver. 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564-567.
- Fekrandish, H., Hosseini, S. J., Kamali, A., & Soltani, M. (2015). Assessing genetic diversity of populations of bartail flathead (*Platycephalus indicus* Linnaeus, 1758) in the Northern part of the Persian Gulf using AFLP markers. *Iranian Journal of Fisheries Sciences*, 14(4), 924-936.
- Ghanbarifardi, M., Aliabadian, M., & Esmaeili, H. R. (2018). Phylogeography of Walton's Mudskipper, *Periophthalmus waltoni* Koumans (1941) (Perciformes: Gobiidae), from the Persian Gulf and Gulf of Oman. *Zoology in the Middle East*, 64:3, pp. 207-218.
- Ghasemi, S. and Hosseini, S. (2018). Population genetic structure of *Otolithes ruber* in the Persian Gulf (Iranian coastal waters). *Journal of Animal Environment*, 10(2), 135-142.
- Liu, F., Shi, H. Z., Guo, Q. S., Lv, F., Yu, Y. B., Lv, L. L., & Zhang, M. M. (2015). Analysis of the genetic diversity and population structure of *Perinereis aibuhitensis* in China using TRAP and AFLP markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 59, 194-203.
- Liu, L., Liu, C. W., & Liang, N. A. (2008). Genetic analysis of population of cobia, *Rachycentron canadum*, around Zhanjiang waters of South China Sea with microsatellite markers. *Journal of Tropical Oceanography*, 27(6), 57-61.
- Loka, J., Philipose, K. K., Vaidya, N. G., Sonali, S. M., & Dube, P. (2016). Variations in the growth rates of cage-cultured Asian seabass (*Lates calcarifer*) (Bloch, 1790) and cobia *Rachycentron canadum* (Linnaeus, 1766) in relation to environmental quality of marine farm at Karwar, India. *Indian Journal of Fisheries*, 61(3), 140-145.

- Mansourkiaei, A., Mostafavi, P. G., Fatemi, S. M. R., Kaymaram, F., & Nazemi, A. (2016). Phylogenetic relationships of *Scomberomorus commerson* using sequence analysis of the mtDNA D-loop region in the Persian Gulf, Oman Sea and Arabian Sea. *International Aquatic Research*, 8(2), 137-148.
- Mirimin, L. and Roodt-Wilding, R. (2015). Testing and validating a modified CTAB DNA extraction method to enable molecular parentage analysis of fertilized eggs and larvae of an emerging South African aquaculture species, the dusky kob, *Argyrosomus japonicus*. *Journal of Fish Biology*, 86(3), pp. 1218-1223
- Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *American National Biology*, 106, 283e292.
- Peakall, R. and Smouse P. E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel: Population genetic software for teaching and research (an update). *Bioinformatics*, 28, 2537-2539.
- Pourkazemi, M. (1996). Molecular and biochemical genetic analysis of sturgeon stocks from the South Caspian Sea. Ph.D. Thesis, *University of Wales, Swansea*.
- Pruett, C. L., Saillant, E., Renshaw, M. A., Patton, J. C., REXROAD III, C. E., & Gold, J. R. (2005). Microsatellite DNA markers for population genetic studies and parentage assignment in Cobia, *Rachycentron canadum*. *Molecular Ecology Notes*, 5(1), 84-86.
- Xu, Q., Chen, F., Shin, P. K., Cheung, S. G., Chen, Y., & Ke, C. (2011). AFLP analysis of genetic variation among three natural populations of horseshoe crab, *Tachypleus tridentatus*, along Chinese coast. *Chinese Journal of Oceanology and limnology*, 29(2), 284-289.
- Renshaw, M. A., Pruet, C. L., Saillant, E., Patton, J. C., Rexroad III, C. E., & Gold, J. R. (2005). Microsatellite markers for Cobia, *Rachycentron canadum*. *Gulf of Mexico science*, 23(2), 11.
- Rohlf, F. J. (2000). NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.2. Exeter Software. *Setauket*, New York.
- Salari Aliabadi, M. A. and Rastgoo A. (2013). Study of population structure of the Javelin Grunter, *Pomadasys kaakan* (Cuvier, 1830) using AFLP molecular markers in the Persian Gulf. *JFST*, 1(1), 27-37. URL: <http://jfst.modares.ac.ir/article-6-7336-fa.html>
- Rezvani, S., Salari, M., Savari, A., Zolgharnein, H., & Nabavi, M. (2009). Investigation on genetic structure of Cobia (*rachycentron canadum*) using microsatellite markers. *Iranian Scientific Fisheries Journal*, 18(3), 67-78. doi: 10.22092/isfj.2009.115494
- Shaffer, R. V. and Nakamura, E. L. (1989). Synopsis of biological data on Cobia *Rachycentron canadum* (Pisces: Rachycentridae). *National Marine Fisheries Service*, Seattle, 21.
- Sharifi, M., Sourinejad, I., Hoseyni, S. J., Qasemi, S. A., & Faghieh, A. (2012). Genetic diversity of Black Pomfret (*Parastromateus niger*) in Iranian coasts of the Persian Gulf using AFLP molecular marker. *Journal of Aquatic Ecology*, 2(2), 81-68.
- Smith-Vaniz, W. F. (1984). Carangidae: relationships. *Ontogeny and Systematics of Fishes*, 1, 640-70.
- Tala, M., Azad, M., Lalooei, F., Tamadoni Jahromi, S., & Taghavi, M. J. (2016). Molecular investigation of population of *Rachycentron Canadum* species in the northern part of the Persian Gulf and Oman Sea based on NADH dehydrogenase (ND2) gene. *NCMBJ*, 6 (21), 49-57.
- Tala, M., Kazemi Damane, B., Laloie, F., Soltani, M., Azad, M., & Koochaki, A. (2011). Investigation on polymorphism of mitochondrial genome in Cobia fish, *Rachycentron canadum*, in the northern waters of the Persian Gulf and Oman Sea. *Pejouhandeh*, 16(5), 246-51.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., & Zabeau, M. (1995). A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic acids research*, 23(21), 4407-4414.

- Xu, Q., Chen, F., Shin, P. K. S., Cheung, S. G., Chen, Y., & Ke, C. (2011). AFLP analysis of genetic variation among three natural populations of horseshoe crab, *Tachypleus tridentatus*, along Chinese coast. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 29(2), 284-289.
- Rezvani, S., Salari, M., Savari, A., Zolgharnein, H., & Nabavi, M. (2009). Investigation on the genetic structure of *Cobia* (*rachycentron canadum*) using microsatellite markers. *Iranian Scientific Fisheries Journal*, 18(3), 67-78. doi: 10.22092/isfj.2009.115494.