تاکسونومی و بیوسیستماتیک، سال ششم، شماره بیستم، پاییز ۱۳۹۳، صفحه ۲۳-۳۶
دریافت مقاله: ۱۳۹۲/۱۱/۱۵ پذیرش نهایی: ۱۳۹۳/۰۵/۱۱

بررسی مقدماتی فیلوژنی و ساختار ژنتیکی میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguiensis*) در خوریات لافت و سیریک خلیج فارس با استفاده از توالی‌یابی ژن میتوکندریایی 16S rRNA

ایمان سوری‌نژاد [۱]*، فریبا کشاورزی [۱]، سعید تمدنی جهرمی [۲] و سمیرا وحیدی‌نژاد [۱]
[۱] گروه شیلات، دانشکده علوم و فنون دریایی و جوی، دانشگاه هرمزگان، بندرعباس، ایران
[۲] بخش ژنتیک، پژوهشکده اکولوژی خلیج فارس و دریای عمان، هرمزگان، بندرعباس، ایران

چکیده

میگوی موزی با نام علمی *Fenneropenaeus merguiensis* از مهم‌ترین گونه‌های میگو در خلیج فارس است که حدود ۶۰ درصد از صید میگوی استان هرمزگان را تشکیل می‌دهد. با توجه به اهمیت این گونه در چرخه صید و صیادی، فیلوژنی و ساختار ژنتیکی جمعیت این گونه در خوریات لافت و سیریک خلیج فارس با روش توالی یابی ژن میتوکندریایی 16S rRNA بررسی شد. نتایج توالی‌یابی ژن 16S rRNA ۱۰ میگوی نمونه‌برداری شده که شامل ۴۴۸ باز هم‌ردیف شده بود، یک جایگاه ژنی مونومورف، ۴۴۷ جایگاه ژنی پلی‌مورف و ۷ هاپلوتیپ نشان داد. هیچ گونه چند شکلی اضافه و حذف مشاهده نشد. مقدار F-statistic در سطح اطمینان ۹۵ درصد بین دو جمعیت میگوی خوریات لافت و سیریک (برابر با ۰/۱۴) معنی‌دار نبود (P value = ۰/۰۸). ترسیم درخت‌های تکاملی ساختار جغرافیایی مشخصی را بین دو منطقه نشان نداد. میانگین مقدار آزمون تاجیما و Fu's FS بین دو جمعیت (به ترتیب برابر با ۲/۶۱ و ۱۰/۳۳) معنی‌دار نبود که مؤید عدم بسط جمعیتی بین نمونه‌های دو منطقه است. میزان تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی نمونه‌های دو منطقه به ترتیب ۰/۰۰۴ ± ۰/۹۳۳ و ۰/۸۰۲ ± ۰/۶۷۲ محاسبه شد. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که *F. merguiensis* در خوریات لافت و سیریک از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردار است اما با توجه به میزان شاخص جدایی جمعیت و حد معنی‌دار بودن، نمی‌توان با یقین جمعیت ها را یکی دانست. نتایج تحقیق حاضر می‌تواند در مدیریت شیلاتی مبتنی بر بازسازی ذخایر و حفظ تنوع ژنتیکی هریک از جمعیت‌ها مدنظر قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: فیلوژنی، خلیج فارس، خوریات لاف و سیریک، میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguiensis*)، 16S rRNA

* sourinejad@hormozgan.ac.ir

مقدمه

بررسی روند تکاملی و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های مختلف آبزیان به منظور اعمال مدیریت شیلاتی و بهره‌برداری پایدار از ذخایر اهمیت ویژه‌ای دارد (Lin *et al*., 2002؛ Thorrold *et al*., 2002؛ Thai *et al*., 2006). همچنین ارزیابی روند تکاملی اطلاعات ارزشمندی را در راستای طبقه‌بندی و مطالعه ساختار و تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها در اختیار پژوهشگران قرار می‌دهد (Benzie *et al*., 1995؛ Ghasabshiran *et al*., 2013). این اطلاعات برای حفاظت از گونه‌های در معرض تهدید و در صنعت آبزی‌پروری مفید است (Valles-Jimenez *et al*., 2006؛ Mohamadian *et al*., 2010؛ Rezaei *et al*., 2010؛ Vera *et al*., 2011).

خانواده Penaeidae شامل گروه متنوعی از گونه‌های میگو است که در خورها و مصب‌ها و محیط‌های دریایی مناطق استوایی و نیمه استوایی در سراسر جهان یافت می‌شوند (Gulland and Rothschild, 1984). میگوهای این خانواده از لحاظ صید و صیادی ارزشمند هستند و در وسیعی نیز به طور پرورشی تکثیر می‌شوند (Leung and Engle, 2006). اهمیت اکولوژیکی و اقتصادی میگوهای خانواده Penaeidae به اجرای تحقیقات زیست‌شناختی و ژنتیکی گسترده‌ای درباره گونه‌ها و جمعیت‌های آن منجر شده است. با توجه به پراکنش بسیار گسترده میگوهای این خانواده در منابع آبی جهان، نتایج تحقیقات ژنتیکی محققان از عدم تعیین ساختار ژنتیکی و جمعیتی مشخص در برخی مطالعات (Benzie, 2000؛ Cui *et al*., 2007) تا تعیین ساختار ژنتیکی و جمعیتی مشخص و معنی‌دار در مطالعات دیگر متغیر است (Klinbunga *et al*., 1999؛ You *et al*., 2008). به طور کلی، بسیاری از بی‌مهرگان آبزی در مراحل لاروی و روند تکاملی خود دارای بسترهای مشترکی هستند که این عامل سبب مهاجرت بین مناطق و ایجاد جریان ژنی بین آنها می‌گردد (Avise, 2000). به همین علت بررسی‌های مولکولی جدایی جغرافیایی اندکی را در این گونه‌ها که از پتانسیل پراکندگی بالایی برخوردارند، نشان می‌دهد (Palumbi, 2003) هرچند که اخیراً گزارش‌هایی مبنی بر جدایی جمعیتی گونه هایی که در فاصله جغرافیایی کم زیست می‌کنند گزارش شده است (Hellberg, 2009).

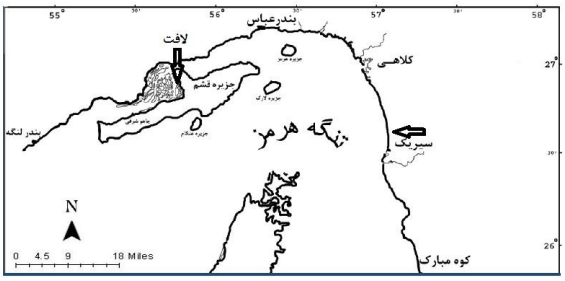
پراکنش عمده خانواده Penaeidae به ویژه جنس‌های *Penaeus* و *Fenneropenaeus* در جنوب‌شرقی آسیا، هند، خلیج مکزیک، استرالیا و خلیج فارس است. در میان گونه‌های خانواده Penaeidae، میگوی موزی (*F. merguiensis*) یکی از هشت گونه اقتصادی مهم این خانواده است (Leung and Engle, 2006). *F. merguiensis* از مهم‌ترین گونه‌های میگو در صیدگاه‌های استان هرمزگان است که حدود ۶۰ درصد از کل صید میگو در این استان را تشکیل می‌دهد. ذخایر میگو نه تنها به خاطر ارزش غذایی و میزان ارزآوری نقش به سزایی در اقتصاد کشور ایران دارد، بلکه در صنعت تکثیر و پرورش نیز از جایگاه خاصی برخوردار بوده، یکی از محورهای اصلی توسعه در بخش شیلات جنوب کشور را به خود اختصاص داده است. هر ساله بهره‌برداری از ذخایر میگوی *F. merguiensis* در صیدگاه‌های استان هرمزگان توسط تعداد زیادی از شناورهای سنتی و تا حدودی شناورهای صنعتی به منظور تأمین نیاز بازار مصرف و همچنین تأمین میگوی مولد و صادرات آن به خارج از کشور انجام می‌شود.

در سال‌های اخیر DNA میتوکندریایی به طور گسترده به عنوان نشانگر ژنتیکی در گونه های مختلف میگوهای خانواده Penaeidae استفاده شده است. استفاده از این نشانگر به دلیل دارا بودن بسیاری از ویژگی‌های مطلوب نظیر عدم نوترکیبی، وراثت از طریق مادری و نرخ بالای جهش در مطالعات ساختار ژنتیکی و روند تکاملی مناسب تشخیص داده شده است (Garcia-Machado *et al*., 2001؛ Klinbunga *et al*., 2001؛ McMillen-Jackson and Bert, 2004). ژن 16S rRNA یکی از نواحی بسیار متغیر در ژنوم میتوکندریایی است که سرعت پایین تکاملی از خود نشان می‌دهد و برای مطالعه تمایز بین گونه ها، تعیین رابطه تبارشناسی ژنتیکی و تفکیک جمعیتی تا حد خانواده یا جنس با استفاده از تکنیک توالی یابی مفید است (Ketmaier *et al*., 2008؛ Calo-Mata *et al*., 2009؛ Aliabadian *et al*., 2012).

با وجود اهمیت اقتصادی و بوم‌شناختی میگوی *F. merguiensis* در خلیج فارس و دریای عمان اطلاعاتی در زمینه روند تکاملی و ساختار ژنتیکی و همچنین تفکیک گونه ای جمعیت‌های آن در دسترس نیست. هدف از پژوهش حاضر، بررسی ساختار ژنتیکی و تکاملی میگوی *F. merguiensis* در دو منطقه لافت و سیریک استان هرمزگان و تعیین قرابت یا جدایی ژنتیکی احتمالی جمعیت‌های آن در این دو منطقه به منظور ارایه به مسؤولان اجرایی شیلاتی در جهت حفظ خزانه ژنی، اجرای برنامه‌های بازسازی ذخایر و بهره‌برداری بهینه از جمعیت‌های آن در این مناطق است.

مواد و روش‌ها

تعداد ۱۰ قطعه میگوی *F. merguiensis* به طور تصادفی از دو منطقه لافت و سیریک (هر منطقه پنج نمونه) استان هرمزگان در خرداد ماه ۱۳۹۲ صید شد (شکل ۱) و پس از تثبیت در الکل ۹۶ درصد به آزمایشگاه ژنتیک پژوهشکده اکولوژی خلیج فارس و دریای عمان انتقال یافت.



شکل ۱- دو منطقه نمونه‌برداری از میگوی *F. merguiensis* در خوریات لافت و سیریک در استان هرمزگان

استخراج DNA با اندک تغییراتی با روش فنل-کلروفرم (Taggart *et al*., 1992) از بافت ماهیچه‌ای پاهای شنای میگو انجام گرفت و کیفیت آن با استفاده از الکتروفورز ژل آگاروز یک درصد ارزیابی شد (Palumbi *et al*., 1991).

برای تعیین تنوع ژنتیکی در میگوی *F. merguiensis* از روش توالی‌یابی ژن 16S rRNA استفاده شد. بدین منظور، ژن 16S rRNA با روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) با یک جفت آغازگر ژن 16S rRNA متعلق به خانواده Penaidae به شرح ذیل تکثیر شد (Palumbi *et al*., 1991):

(Forward, 16Sar5') 5'-CGC CTG TTT ATC AAA AAC AT-3'

(Reverse, 16Sbr3') 5'-CCG GTY TGA ACT CAG ATC AYG T-3'

هر ویال از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز شامل یک میکرولیتر DNA حدوداً ۱۰۰ نانوگرم، ۵ میکرولیتر PCR Buffer (10X)، ۲ میکرولیتر $MgCl_2$ ۵۰

میلی‌مولار، ۱ میکرولیتر dNTPs ۱۰ میلی‌مولار، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر (۱۰ ماکرومول) و ۰/۴ میکرولیتر از آنزیم Taq-پلیمراز با غلظت ۵ واحد در میکرولیتر (سیناژن، ایران) بود که با آب مقطر استریل به حجم نهایی ۵۰ میکرولیتر رسانده شد. واکنش PCR در دستگاه ترموسایکلر، (MJ research، مدل PTC-100، ساخت آمریکا) انجام شد و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز برای تکثیر ژن مذکور با تنظیم دمای الحاق و بهینه‌سازی برنامه اجرایی دستگاه ترموسایکلر مطابق جدول ۱ صورت گرفت.

۵ میکرولیتر از محصول PCR تمامی نمونه ها به همراه نشانگر مولکولی ۱۰۰ باز (شرکت Fermentas GmbH، ساخت آلمان) در ژل آگاروز ۱ درصد الکتروفورز شد و پس از اطمینان از تکثیر اندازه مناسب ژن فوق، مقدار باقیمانده آنها پس از ارسال به بخش مولکولی شرکت ماکروژن (ساخت کره جنوبی)، خالص‌سازی و به عنوان DNA الگو برای توالی‌یابی استفاده شدند. واکنش‌های توالی‌یابی DNA به همراه آغازگر forward با بسته BigDye شرکت Applied Biosystems، ساخت آمریکا) با دستگاه DNA analyzer (مدل XL3730، شرکت Applied Biosystems، ساخت آمریکا) انجام شد.

پس از تعیین توالی‌ها، بازنگری توالی‌های مشابه با نرم‌افزار Chromas نسخه ۲/۲۳ انجام شد. برای شناسایی اختلاف میان توالی‌ها، نمونه‌های توالی‌یابی شده با نرم‌افزار Clustal W (Thompson *et al.*, 1997) هم‌ردیف شدند. شاخص‌های تنوع مولکولی نظیر تعداد هاپلوتیپ‌ها، مکان‌های چندشکلی، تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی به همراه واریانس بر اساس مدل Nei (۱۹۷۸)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، واگرایی ژنتیکی (F_{ST}) که نشانه جدایی جمعیت‌ها است به صورت جفتی بین مناطق نمونه‌برداری با ۱۰۰۰ تکرار (Slatkin and Hudson, 1991) توسط نرم‌افزار Arlequin نسخه ۳/۱ (Excoffier *et al.*, 1992) و نرم‌افزار DnaSp (Rozas *et al.*, 2003) محاسبه شد. گسترش و پراکنش جمعیتی با روش آزمون‌های بی‌طرفی (neutrality tests) شامل دو آزمون: Tajima's D (Tajima, 1989) و Fu's FS (Fu, 1997) با نرم‌افزار Arlequin نسخه ۳/۱ بررسی شد. درخت‌های فیلوژنتیکی با روش‌های UPGMA و Maximum Parsimony و ۱۰۰۰ تکرار توسط نرم‌افزار MEGA نسخه ۴ رسم گردید (Kimura, 1980).

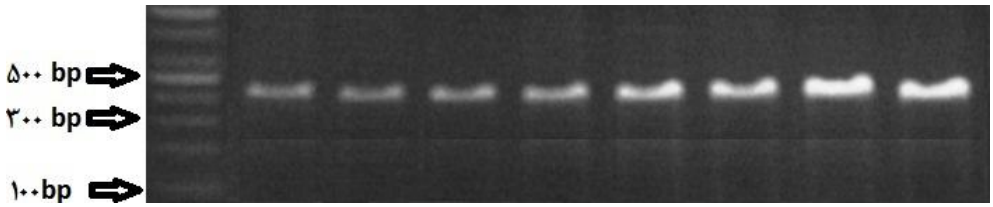
جدول ۱- برنامه اجرایی دستگاه ترموسایکلر برای تکثیر ژن 16S rRNA

مراحل PCR	دما (درجه سانتیگراد)	زمان	تعداد چرخه
واسرشت‌سازی اولیه	۹۵	۳ دقیقه	۱
واسرشت‌سازی	۹۵	۳۰ ثانیه	۳۰
الحاق	۴۸	۴۵ ثانیه	
بسط	۷۲	۶۰ ثانیه	
بسط نهایی	۷۲	۵ دقیقه	۱

نتایج

بهینه‌سازی واکنش PCR برای تکثیر ژن 16S rRNA با استفاده از شیب دمایی ۴۸-۶۰ درجه سانتیگراد نشان داد که مناسب‌ترین دما برای اتصال آغازگر، دمای ۴۸ درجه

سانتیگراد است. آغازگرهای '16Sar5 و '16Sbr3 امکان تکثیر بخشی از ژن 6S rRNA به طول تقریبی ۴۷۰ جفت باز را فراهم نمودند. الگوی باندی محصول PCR روی ژل آگاروز یک درصد در شکل ۲ نشان داده شده است.



شکل ۲- الگوی باندی محصول PCR ژن 16S rRNA روی ژل آگاروز یک درصد

بر اساس آنالیز انجام شده، تعداد ۷ هاپلوتیپ در دو منطقه خور لافت و سیریک شناسایی شد. ۳ هاپلوتیپ مربوط به نمونه های خور لافت و ۴ هاپلوتیپ مربوط به نمونه های خور سیریک بودند. ۴ نمونه از نمونه های منطقه لافت دارای هاپلوتیپ مشترک بودند (هاپلوتیپ‌های شماره ۱ و ۲) و ۲ نمونه از نمونه های منطقه سیریک نیز دارای هاپلوتیپ مشترک بودند (هاپلوتیپ شماره ۴). هیچ هاپلوتیپ مشترکی بین دو منطقه مطالعه شده به دست نیامد و تمامی هاپلوتیپ‌ها منحصر به فرد بودند (جدول ۲).

از ۴۴۸ باز ردیف شده حاصل از ۱۰ نمونه توالی‌یابی شده ژن 16S rRNA در میگوی *F. merguiensis* دو منطقه، یک جایگاه ژنی مونومورف، ۴۴۷ جایگاه ژنی پلی‌مورف و ۱۰۱۷ موتاسیون به دست آمد که نشان دهنده نرخ بسیار بالای موتاسیون در این گونه است. هیچ گونه چند شکلی اضافه و حذف (InDells) مشاهده نشد.

بر اساس محاسبه عامل F_{ST} بین نمونه های دو منطقه لافت و سیریک، فاصله جمعیتی بین دو منطقه ۰/۱۴ به دست آمد که در سطح احتمال ۰/۰۵ نمونه های دو منطقه مطالعه شده با فاصله کمی اختلاف معنی‌داری نداشتند (P value=۰/۰۸ ،P>۰/۰۵).

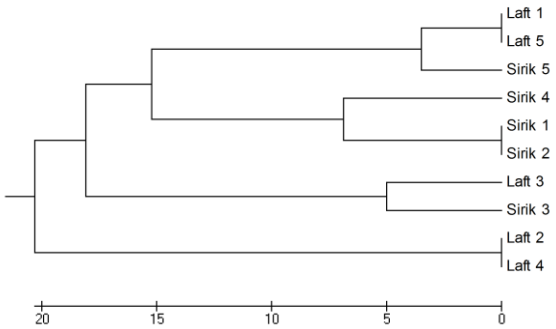
در ترسیم درخت‌های تکاملی با روش UPGMA و Maximum Parsimony شاخه مجزایی از دو جمعیت مشاهده نشد و ساختار جغرافیایی مشخصی را بین دو منطقه نشان نداد (شکل‌های ۳ و ۴).

میانگین مقدار آزمون Tajima's D و Fu's FS برای ۱۰ توالی، به ترتیب ۲/۶۱ و ۱۰/۳۳ بین مناطق محاسبه شد. هر دو شاخص مثبت بود اما از لحاظ آماری معنی‌دار نبودند (P value=۰/۰۹ ،P>۰/۰۵) (جدول ۳).

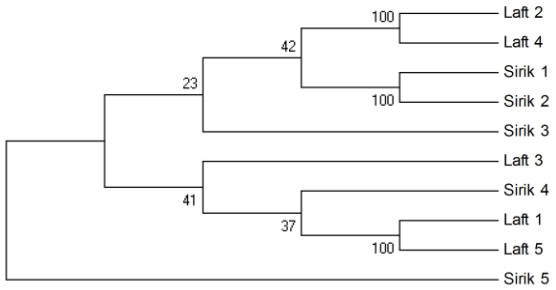
میزان تنوع هاپلوتیپی یا ژنی برای هر دو منطقه بالا بود (۰/۸۰۰ تا ۰/۹۰۰) و در خور لافت به میزان ۰/۱۶۴ ± ۰/۸۰۰ و در خور سیریک به میزان ۰/۱۶۱ ± ۰/۹۰۰ محاسبه شد. همچنین، تنوع نوکلئوتیدی درون جمعیتی برای ژن مورد بررسی در خور لافت به میزان ۰/۳۶۰ ± ۰/۵۹۴ و در خور سیریک به میزان ۰/۳۸۶ ± ۰/۶۳۷ ثبت شد. میزان تنوع هاپلوتیپی و تنوع نوکلئوتیدی برای تمامی نمونه ها (بین جمعیتی) به ترتیب: ۰/۰۰۴ ± ۰/۹۳۳ و ۰/۸۰۲ ± ۰/۶۷۲ محاسبه شد. میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار برای خور لافت ۰/۱۹۹ ± ۰/۵۹۴ و برای خور سیریک ۰/۱۹۶ ± ۰/۶۳۶ به دست آمد (جدول ۴).

جدول ۲- پراکنش هاپلوتیپی ژن *F. merguiensis* 16S rRNA در دو منطقه خور لافت و سیریک

منطقه / هاپلوتیپ	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	جمع
لافت	۲	۲	۱	–	–	–	–	۵
سیریک	–	–	–	۲	۱	۱	۱	۵
جمع	۲	۲	۱	۲	۱	۱	۱	۱۰



شکل ۳- درخت تکاملی ژن 16S rRNA میگوی *F. merguiensis* خوریات لافت و سیریک با روش UPGMA



شکل ۴- درخت تکاملی ژن 16S rRNA میگوی *F. merguiensis* خوریات لافت و سیریک با روش Maximum Parsimony.

جدول ۳- نتایج آزمون های Tajima's D و Fu's FS در میگوی *F. merguiensis* دو خور لافت و سیریک

	Tajima's D		Fu's FS	
	P value	D	P value	FS
خور لافت	۰/۹۹	۲/۳۵	۱/۰۰	۱۲/۸۷
خور سیریک	۰/۹۸	۲/۸۶	۰/۹۹	۷/۷۸
میانگین	۰/۹۹	۲/۶۱	۰/۹۹	۱۰/۳۳

جدول ۴- شاخص‌های تنوع ژنتیکی *F. merguiensis* در دو خور لافت و سیریک

شاخص	خور لافت	خور سیریک
تعداد نمونه‌های بررسی شده	۵	۵
جایگاه‌های بررسی شده	۴۴۸	۴۴۸
تعداد جایگاه‌های چند شکلی	۴۲۴	۴۳۲
چند شکلی اضافه و حذف	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
تعداد هاپلوتیپ	۳	۴
تنوع نوکلئوتیدی	۰/۵۹۴ ± ۰/۳۶۰	۰/۶۳۷ ± ۰/۳۸۶
تنوع هاپلوتیپی	۰/۸۰۰ ± ۰/۱۶۴	۰/۹۰۰ ± ۰/۱۶۱
هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۵۹۴ ± ۰/۱۹۹	۰/۶۳۶ ± ۰/۱۹۶

ترکیب نوکلئوتیدی ژن 16S rRNA میگوی *F. merguiensis* در جدول ۵ نشان داده شده است. مطالعه ترکیب نوکلئوتیدی ژن 16S rRNA نشان داد که این توالی غنی از بازهای T و A (۶۸/۱۰ درصد) است.

جدول ۵- ترکیب نوکلوتیدی ژن 16S rRNA میگوی *F. merguiensis* در دو خور لافت و سیریک (درصد)

منطقه	C	T	A	G	جمع
خور لافت	۱۲/۲۸	۳۳/۶۲	۳۴/۴۶	۱۹/۶۴	۱۰۰
خور سیریک	۱۴/۳۷	۳۳/۵۳	۳۴/۶۰	۱۹/۶۰	۱۰۰

بحث

در دهه‌های اخیر با توسعه روش‌های نوین مولکولی تحقیقات در مورد ساختار ژنتیکی، جمعیتی و تکاملی گونه های مختلف آبزیان در اغلب کشورهای جهان انجام شده است و استفاده از نتایج آنها سبب اعمال مدیریت علمی و صحیح در راستای بازسازی ذخایر آبزیان، توسعه آبزی‌پروری و حفظ ساختار ژنی جمعیت های مختلف شده است. تعیین ساختار ژنتیکی و جمعیتی گونه‌های مختلف آبزیان و برخورداری از تکنیک‌های سریع و نوین برای تعیین میزان قرابت خویشاوندی بین گونه‌ای و درون‌گونه‌ای می‌تواند

راهگشای بسیار خوبی برای استفاده مدیران اجرایی باشد، چرا که در بیشتر آبزیان و به ویژه در سخت‌پوستان علیرغم وجود صفات ریخت‌شناسی یکسان تفاوت‌های ژنتیکی قابل توجهی در سطوح مختلف و در مناطق جغرافیایی متفاوت وجود دارد (Palumbi *et al*., 1991).

از مهم‌ترین شاخص‌های تفکیک بین جمعیت‌ها، عامل F_{ST} است که نشان دهنده تمایز یا جدایی بین جمعیت‌هایی است که در مناطق مختلف جغرافیایی زیست می‌نمایند (Mohamadian *et al*., 2010). در بررسی حاضر میزان F_{ST} با اطمینان ۹۵ درصد بین نمونه‌های دو منطقه ۰/۱۴ و غیر معنی‌دار محاسبه شد (P>۰/۰۵). با توجه به این که مقدار عدد معنی داری (۰/۰۸) نزدیک به سطح احتمال ۰/۰۵ بود بنابراین نمی‌توان با قاطعیت دو جمعیت میگوی *F. merguiensis* در خوریات لافت و سیریک را یکی دانست.

نتایج حاصل از رسم درخت فیلوژنتیک برای نمونه‌های دو منطقه لافت و سیریک شاخه‌های مجزایی از دو جمعیت را نشان نداد و نتوانست تفکیک جغرافیایی نمونه‌های مختلف خوریات لافت و سیریک را نشان دهد.آزمون تفاوت بین جمعیت‌ها شامل Tajima's D و Fu's FS نیز غیر معنی‌دار به دست آمد و بنابراین فرضیه مستقل بودن جمعیت‌های میگوی *F. merguiensis* دو منطقه لافت و سیریک رد می‌شود. بنابراین بر اساس این آزمون‌ها، میگوی *F. merguiensis* در دو منطقه لافت و سیریک احتمالاً از جمعیت واحدی تشکیل شده‌اند و بسط و گستردگی جمعیتی بین نمونه های دو منطقه وجود ندارد که وجود تنوع بالا درون مناطق نمونه‌برداری نیز این مسأله را تأیید می‌نماید.

فاصله جغرافیایی بین جمعیت ها تأثیر مهمی بر روند تکاملی، ساختار ژنتیکی و جریان ژنی دارد (Wang *et al*., 2008). با افزایش فاصله جغرافیایی فاصله ژنتیکی افزایش می‌یابد که علت آن کاهش جریان ژنی در اثر وجود موانع فیزیکی یا طبیعی است (Beacham *et al*., 2004؛ Mohamadian *et al*., 2010؛ Rezaei *et al*., 2010). یکی از علت های احتمالی عدم وجود تفکیک ژنتیکی جمعیت میگوی *F. merguiensis* خوریات لافت و سیریک موقعیت جغرافیایی خور منطقه لافت است که به صورت یک مکان تقریباً بسته می‌تواند از میزان مهاجرت زیاد میگوی *F. merguiensis* بین دو منطقه جلوگیری به عمل آورد. از آنجا که دو منطقه لافت و سیریک فاصله جغرافیایی چندانی ندارند بنابراین موضوع تأثیر فاصله جغرافیایی بر کاهش جریان ژنی منتفی به نظر می‌رسد. بنابراین، به دلیل فاصله نسبتاً نزدیک، تماس میان این دو جمعیت از طریق پدیده مهاجرت امکان‌پذیر است که این موضوع باعث برقراری میزان متوسط جریان ژنی و در نتیجه عدم تمایز بالای ژنتیکی جمعیت‌ها می‌شود (Cui *et al*., 2007؛ Ghodsi *et al*., 2011).

اصولاً اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌ها در نتیجه مجتمع شدن افراد در یک منطقه خاص به وجود می‌آید و جمعیت‌های یک گونه به واسطه آمیزش درونی با یکدیگر یک مخزن ژنی منحصر به همان جمعیت را ایجاد می‌کنند (Pinera *et al*., 2007). به نظر می‌رسد در مورد جمعیت میگوی *F. merguiensis* در خوریات لافت و سیریک جریان ژنی و مهاجرت بین جمعیت‌های این مناطق به وقوع پیوسته است اما با توجه به تنوع مولکولی مناسب، جمعیت دو منطقه هنوز به تعادل یا تفکیک جمعیتی کامل نرسیده باشند.

اصولاً پراکنش جغرافیایی میگوهای هر منطقه در ارتباط با شرایط زیست محیطی به ویژه میزان تحمل آنها نسبت به نوسانات شوری یا سایر عوامل مؤثر، شرایط بستر و وابستگی میگوها به آن، وجود مصب‌ها و خوریات و شرایط هیدرولوژیک آن و همچنین رفتارها و الگوهای مهاجرتی میگوها هم قرار دارد که بر میزان جریان ژنی تأثیرگذار است (Garcia and Le Reste, 1981؛ Croos and Pálsson, 2010). یکی از مهم‌ترین عواملی که می‌تواند در ساختار ژنتیکی، ترکیب یا عدم ترکیب جمعیت دو منطقه دخالت داشته باشند وجود سدهای فیزیکی یا گیاهی در مناطق مورد بررسی است (Ghelichpour *et al.*, 2010؛ Tiedemann *et al.*, 2000؛ Rezaei *et al.*, 2010). در این ارتباط می‌توان به وجود خوریات و جنگل‌های حرا در هر دو منطقه اشاره داشت. جنگل‌های حرا یکی از مهم ترین مناطق نوزاد گاهی و تغذیه لارو ماهیان و سخت‌پوستان است. در دو منطقه لافت و سیریک وجود خور و مصب و همچنین پراکنش جنگل‌های حرا زیستگاه‌های متعدد مناسبی را از جهت فراهم بودن منابع غذایی و وجود پناهگاه برای مرحله نوزادی و پست لاروی میگوی *F. merguiensis* فراهم می‌آورد. وجود تنوع مولکولی به دست آمده در میگوی *F. merguiensis* در این دو منطقه می‌تواند در نتیجه این سدهای گیاهی و همچنین وجود تنوع زیستگاهی در خوریات و جنگل‌های حرا نیز باشد.

از دیگر عوامل مؤثر بر پراکنش میگوها، اندازه میگو است. در طول محور مهاجرت میگوها از خوریات و مصب‌ها به سمت آب‌های عمیق، به ترتیب میگوهای جوان در مناطق ساحلی و میگوهای بزرگتر در آب‌های عمیق‌تر مشاهده می‌شوند. با افزایش اندازه و سن، جمعیت های میگو از این خوریات به سمت مناطق عمیق‌تر دریا برای بلوغ جنسی و تولید مثل مهاجرت می‌کنند. سپس لاروهای پلاژیک تولید شده مجدداً به سمت این خوریات حرکت می‌کنند تا مراحل نوجوانی و پست لاروی را در این مناطق سپری نمایند. بنابراین، بین این خوریات رفتار مهاجرت و جریان ژنی تا حدودی برقرار است و درخت تکاملی ترسیم شده با روش UPGMA نیز نتوانست تفکیک جغرافیایی بین دو منطقه را نشان دهد. یکی از علت‌های اصلی وجود تفاوت‌های ژنتیکی در جمعیت‌های جانداران دریایی، توانایی گسترش و پراکندگی آنها است. بنابراین، در صورتی که یکی از مراحل زندگی موجودات دریایی حالت پلانکتونی داشته باشد، گسترش آنها ممکن است در فواصل مختلف اتفاق بیفتد. به بیان دیگر، وجود مرحله لاروی پلاژیک در میگوها از دلایل عمده انتشار و گسترش آنها در فواصل جغرافیایی مختلف و در نتیجه افزایش میزان جریان ژنی و عدم تمایز جمعیت ها است (Croos and Pálsson, 2010). دارا بودن مراحل پلانکتونی و لارو پلاژیک در آبزیان می‌تواند به جمعیت هایی با پراکندگی بالا و غیر متمایز از نظر ژنتیکی در مقایسه با گونه‌هایی با فقدان مراحل پلانکتونی منجر شود (Weersing and Toonen, 2009؛ Ghasabshiran *et al.*, 2013).

نتایج به دست آمده از تحقیق حاضر در مورد تنوع و ساختار ژنتیکی میگوی *F. merguiensis* به عنوان مهم ترین گونه صید میگو در استان هرمزگان نشان داد که تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی درون جمعیتی و بین جمعیتی بالایی بین خوریات لافت و سیریک در خلیج فارس وجود دارد. با توجه به آنالیز جمعیتی، یکی بودن جمعیت‌های میگوی *F. merguiensis* در خوریات لافت و سیریک را نمی‌توان با یقین بالا عنوان نمود. در پژوهش حاضر، میزان تنوع هاپلوتیپی در درون

نمونه‌های هر منطقه و نیز بین دو منطقه لافت و سیریک در حد بالایی بود. از ۱۰ توالی بررسی شده، تعداد ۷ هاپلوتیپ منحصر به فرد شناسایی گردید. تراز تنوع هاپلوتیپی می‌تواند از صفر (تمام افراد جمعیت دارای هاپلوتیپ یکسان) تا یک (تمام افراد جمعیت دارای هاپلوتیپ‌های متفاوت) متغیر باشد. میزان بالای تنوع هاپلوتیپی و تنوع نوکلئوتیدی درون و بین جمعیتی در میگوی *F. merguiensis* مؤید تنوع ژنتیکی بالای این گونه میگو در دو منطقه نمونه‌برداری است.

تنوع هاپلوتیپی و نوکلئوتیدی مشاهده شده در تحقیق حاضر در محدوده نتایج به دست آمده از تنوع میتوکندریایی در گونه‌های میگوی ببری سیاه (*Penaeus monodon*) (Benzie *et al*., 2002)، میگوی سفید غربی (*P. vannamei*) (Valles-Jimenez *et al*., 2006)، میگوی *P. duorarum* (McMillen-Jackson and Bert, 2004)، میگوی *Litopenaeus setiferus* (McMillen-Jackson and Bert, 2003) و میگوی چینی (*P. chinensis*) (Kong *et al*., 2010) است که همگی سطوح بالای تنوع ژنتیکی را گزارش نمودند. در تناقض با نتایج تحقیق حاضر، تنوع هاپلوتیپی پایینی (۰/۲۴) در میگوی چینی در شمال غرب اقیانوس آرام گزارش شد (Cui *et al*., 2007). به طور کلی، میزان تنوع هاپلوتیپی بالا برای گونه های دریایی و به ویژه راسته ده‌پایان (Decapods) غیر معمول نیست (McMillen-Jackson and Bert 2004؛ Peijnenburg *et al*., 2004؛ Stamatis *et al*., 2004؛ Zardoya *et al*., 2004). این تنوع بالا اغلب به بزرگ بودن اندازه جمعیت در گونه‌های دریایی و پراکندگی گسترده در فواصل زیاد نسبت داده می‌شود که به نگهداری بسیاری از هاپلوتیپ‌های منحصر به فرد در طول رشد و پراکنش جمعیت منجر خواهد شد (Bucklin and Wiebe, 1998؛ Watterson, 1984). البته اندازه جمعیت مؤثر ممکن است بین نواحی مختلف جغرافیایی که پراکنش گونه جریان دارد به علت فرآیند پویایی جمعیت در طول تاریخ تغییر کند و در نتیجه سطوح تنوع ژنتیکی نیز دستخوش تغییراتی شود (Croos and Pálsson, 2010).

در یک جمع‌بندی کلی، رسم درخت فیلوژنی ساختار جغرافیایی مشخصی را در خصوص میگوی *F. merguiensis* در خوریات لافت و سیریک استان هرمزگان نشان نداد. هر چند که بسط و گستردگی جمعیتی مشاهده نشد اما بر اساس شاخص F_{ST} که نزدیک به حد معنی‌دار بود و نتیجه رسم درخت فیلوژنی، نمی‌توان به یقین یکی بودن جمعیت های دو منطقه را بیان نمود. همچنین بر اساس نتایج این تحقیق مشخص شد که ضروری است به منظور دستیابی به اطلاعات تکمیلی و انجام مطالعات گسترده‌تر جمعیتی از سایر ژن‌های میتوکندریایی یا ژنومی نیز استفاده شود. با توجه به این که پژوهش حاضر برای نخستین بار در کشور با ژن 16S rRNA و روش توالی‌یابی DNA در میگوی موزی انجام گردید، اطلاعات قابل توجهی به دست آمد که می‌تواند در جهت مدیریت و بهره‌برداری پایدار از ذخایر با ارزش این گونه در منابع آبی و نیز در صنعت آبزی‌پروری کشور مورد استفاده قرار گیرد.

سپاسگزاری

نگارندگان از آقای مهندس چکمه‌دوز قاسمی کارشناس ارشد بخش ژنتیک پژوهشکده آبزی‌پروری آب‌های داخلی، بندر انزلی به خاطر همکاری در تحلیل‌های آماری سپاسگزاری می‌نمایند.

منابع

Aliabadian, M., Alaee Kakhky, N. and Darvish, J. (2012) Phylogenetic systematics of Barn Owl ((*Tyto alba* (Scopoli, 1769)) complex inferred from mitochondrial rDNA (16S rRNA) taxonomic implication. Taxonomy and Biosystematics 4(11): 1-12 (in Persian).

Avise, J. C. (2000) Phylogeography, the history and formation of species. Harvard University Press, Cambridge.

Beacham, T. D., Mcintosh, M. and MacConnachie, C. (2004) Population structure of lake-type and river-type sockeye salmon in Transboundary rivers of northern British Columbia. Journal of Fish Biology 65: 389-402.

Benzie, J. A. H. (2000) Population genetic structure in Penaeid prawns. Aquaculture Research 31: 95-119.

Benzie, J. A. H., Ballment, E., Forbes, A. T., Demetriades, N. T., Sugama, K., Haryanti, N. and Moria S. (2002) Mitochondrial DNA variation in Indo-Pacific populations of the giant tiger prawn, *Penaeus monodon*. Molecular Ecology 11(12): 2553-2569.

Benzie, J. A. H., Kenway, M., Ballment, E., Frusher, S. and Trott, L. (1995) Interspecific hybridization of the tiger prawns *Penaeus monodon* and *Penaeus esculentus.* Aquaculture 133: 103-111.

Bucklin, A. and Wiebe, P. H. (1998) Low mitochondrial diversity and small effective population sizes on the copepods *Calanus finmarchicus* and *Nannocalanus minor*: possible impact of climate variation during recent glaciation. Journal of Heredity 89: 383-392.

Calo-Mata, P., Pascoal, A., Fernandez, I., Bohme, K. and Gallardo, J. (2009) Evaluation of a novel *16S rRNA*/tRNAVal mitochondrial marker for the identification and phylogenetic analysis of shrimp species belonging to the superfamily Penaeoidea. Analytical Biochemistry 391(2): 127-134.

Croos, M. D. S. T. and Pálsson, S. (2010) Mitochondrial DNA variation and population genetic structure of white shrimp *Fenneropenaeus indicus* along the coastal belt of Sri Lanka. Aquatic Living Resources 23: 315-323.

Cui, Z. X., Li, C. P., Jang, I. K. and Chu, K. H. (2007) Lack of genetic differentiation in the shrimp *Penaeus chinensis* in the Northwestern Pacific. Biochemical Genetics 45: 579-588.

Excoffier, L., Smouse, P. E. and Quattro, J. M. (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-49.

Fu, Y. X. (1997) Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. Genetics 147: 915-925.

Garcia, S. and Le Reste, L. (1981) Life cycles, dynamics, exploitation and management of coastal Penaeid shrimp stock. FAO Fisheries Technical Paper 203: 1-215.

Garcia-Machado, E., Robainas, A., Espinosa, G., Oliva, M., Paez, J., Verdecia, N. and Monnerot, M. (2001) Allozyme and mitochondrial DNA variation in Cuban populations of the shrimp *Farfantepenaeus notialis* (Crustacea: Decapoda). Marine Biology 138: 701-707.

Ghasabshiran, Z., Dorafshan, S. and Keivany, Y. (2013) Population genetic structure of Iranian cichlid, *Iranocichla hormuzensis* as an only cichlidae family in Iran using microsatellite markers. Taxonomy and Biosystematics 5(14): 9-16 (in Persian).

Ghelichpour, M., Shabani, A. and Shabanpour, B. (2010) Genetic diversity of the two populations of Common carp (*Cyprinus carpio*) in Gharahsu and Anzali regions using eight microsatellite markers. Taxonomy and Biosystematics 2(5): 41-48 (in Persian).

Ghodsi, Z., Shabani, A. and Shabanpour, B. (2011) Genetic diversity of *Liza aurata* (Risso, 1810) in the coastal regions of Golstan province, using microsatellite marker. Taxonomy and Biosystematics 3(6): 35-46 (in Persian).

Gulland, J. A. and Rothschild, B. J. (1984) Penaeid shrimps-their biology and management. Fishing New Books, Farnham.

Hellberg, M. E. (2009) Gene flow and Isolation among population of marine animals. Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics 40: 291-310.

Ketmaier, V., Bianco, P. G. and Drand, J. D. (2008) Molecular systematic, phylogeny and biogeography of roaches (Rutilus, Teleostei, Cyprinidae). Molecular Phylogenetics and Evolution 49: 362-367.

Kimura, M. (1980) A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution 16: 111-120.

Klinbunga, S., Penman, D. J., McAndrew, B. J. and Tassanakajon, A. (1999) Mitochondrial DNA diversity in three populations of the giant tiger shrimp *Penaeus monodon.* Marine Biotechnology 1(2): 113-121.

Klinbunga, S., Siludji, D., Wudthijinda, W., Tassanakajon, A., Jarayabhand, P. and Menasveta, P. (2001) Genetic heterogeneity of giant tiger shrimp (*Penaeus monodon*) in Thailand revealed by RADP and mitrochondrial DNA RFLP analysis. Marine Biotechnology 3(5): 428-438.

Kong, X. Y., Li, Y. L., Shi, W. and Kong, J. (2010) Genetic variation and evolutionary demography of *Fenneropenaeus chinensis* populations, as revealed by the analysis of mitochondrial control region sequences. Genetics and Molecular Biology 33(2): 379-389.

Leung, P. and Engle, C. (2006) Shrimp culture: economics, market, and trade. Blackwell Publishing, Oxford.

Lin, Y. S., Poh, Y. P., Lin, S. M. and Tzeng, C. S. (2002) Molecular techniques to identify freshwater Eels. Zoological Studies 41(4): 421-430.

McMillen-Jackson, A. L. and Bert, T. M. (2003) Disparate patterns of population genetic structure and population history in two sympatric penaeid shrimp species (*Farfantepenaeus aztecus* and *Litopenaeus setiferus*) in the eastern United States. Molecular Ecology 12: 2895-2905.

McMillen-Jackson, A. L. and Bert, T. M. (2004) Genetic diversity in the mitochondrial DNA control region and population structure in the pink shrimp *Farfantepenaeus duorarum*. Journal of Crustacean Biology 24: 101-109.

Mohamadian, S., Rezvani Gilkolaei, S., Kazemian, M., Kamali, A., Taghavi, M. J., Rouholahi, S., Laloei, F. and Nayerani, M. (2010) The study of genetic diversity and population structure of *Vimba vimba persa* (Pallas, 1814) populations in the Eastern and Western coastline of the Caspian sea (Havigh River and GorganRoud River) using microsatellite markers. Taxonomy and Biosystematics 2(5): 29-38 (in Persian).

Nei, M. (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89: 583-590.

Palumbi, S. R. (2003) Population genetics, demographic connectivity, and the design of marine reserves. Ecological Applications 13: 146-158.

Palumbi, S., Martin, R. A., Romano, S., McMillan, W. O., Stice, L. and Grabowski, G. (1991) The simple fool's guide to PCR, version 2. University of Hawaii, Honululu.

Peijnenburg, K. T. C., Breeuwer, J. A. J., Pierrot-Bults, A. C. and Menken, S. B. J. (2004) Phylogeography of the planktonic chaetogenath *Sagitta setosa* reveals isolation in European seas. Evolution 58: 1472-1487.

Pinera, J. A., Blanco, G., Vázquez, E. and Sánchez, J. A. (2007) Genetic diversity of black spot seabream (*Pagellus bogaraveo*) populations Spanish Coasts: a preliminary study. Marine Biology 151: 2153-2158.

Rezaei, M., Shabani, A., Shabanpour, B. and Kashiri, H. (2010) Genetic comparison of Caspian Sea *Rutilus frisii kutum* (Kamenskii, 1901) in Gorganroud and Cheshmekile (Tonekabon) rivers using microsatellite markers. Taxonomy and Biosystematics 2(1): 1-14 (in Persian).

Rozas, J., Sa´nchez-DelBarrio, J. C., Messeguer, X. and Rozas, R. (2003) DnaSP, DNA polymorphism analyses by thecoalescent and other methods. Bioinformatics 19: 2496-2497.

Slatkin, M. and Hudson, R. (1991) Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. Genetics 129: 555-562.

Stamatis, C., Triantafyllidis, A., Moutou, K. A. and Mamuris, Z. (2004) Mitochondrial DNA variation in Northeast Atlantic and Mediterranean populations of Norway lobster, *Nephrops norvegicus*. Molecular Ecology 13(6): 1377-1390.

Taggart, J. B., Hynes, R. A., Prodohal, P. A. and Ferguson, A. (1992) A simplified protocol for routin total DNA isolation from salmonid fishes. Journal of Fish Biology 40: 963-965.

Tajima, F. (1989) Statistical-method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics 123: 585-595.

Thai, B. T., Pham, T. A. and Austin, G. M. (2006) Genetic diversity of common carp in Vietnam using direct sequencing and SSCP analysis of the mitochondrial DNA control region. Aquaculture 258: 228-240.

Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. and Higgins, D. G. (1997) The CLUSTAL-X Windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided byquality analysis tools. Nucleic Acid Research 25: 4876-4882.

Thorrold, S. R., Jones, G. F., Hellberg, M. E., Burton, R. S., Swearer, S. E., Niegel, J. E., Morgan, S. G. and Warner, R. R. (2002) Quantifying larval retention and connectivity in marine populations with artificial and natural markers. Bulletin of Marine Science 70: 291-308.

Tiedemann, R., Hardy, O., Vekemans, X. and Milinkovitch, M. C. (2000) Higher impact of female than male migration on population structure in large mammals. Molecular Ecology 9(8): 1159-1163.

Valles-Jimenez, R., Gaffney, P. M. and Perez-Enriquez, R. (2006) RFLP analysis of the mtDNA control region in white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) populations from the eastern Pacific. Marine Biology 148: 867-873.

Vera, M., Sourinejad, I., Bouza, C., Vilas, R., Pino-Querido, A., Kalbassi, M. R. and Martinez, P. (2011) Phylogeography, genetic structure, and conservation of the endangered Caspian brown trout, *Salmo trutta caspius* (Kessler, 1877), from Iran. Hydrobiologia 664: 51-67.

Wang, H., Kesinger, J.W., Zhou, Q., Matrin, G. and Turner, S. (2008) Identification and characterization of zebra fish ocular formation genes. Genome 51(3): 222-235.

Watterson, G. A. (1984) Lines of descent and the coalescent. Theoretical Population Biology 26: 77-93.

Weersing, K. and Toonen, R. J. (2009) Population genetics, larval dispersal, and connectivity in marine systems. Marine Ecology Progress Series 393: 1-12.

You, E. M., Chiu, T. S., Liu, K. F., Tassanakajon, A., Klinbunga S., Triwitayakorn, K., de La Pe, L. D., Li, Y. and Yu, H. T. (2008) Microsatellite and mitochondrial haplotype diversity reveals population differentiation in the tiger shrimp (*Penaeus monodon*) in the Indo-Pacific region. Animal Genetics 39: 267-277.

Zardoya, R., Castilho, R., Grande, C., Favre-Krey, L., Caetano, S., Marcato, S., Krey, G. and Patarnello, T. (2004) Differential population structuring of two closely related fish species, the mackerel (*Scomber scombrus*) and the chub mackerel (*Scomber japonicus*), in the Mediterranean Sea. Molecular Ecology 13(7): 1785-1798.

Primary study of phylogeny and genetic structure of Banana shrimp *Fenneropenaeus merguiensis* in Laft and Sirik estuaries in the Persian Gulf using mitochondrial 16S rRNA gene sequencing

Iman Sourinejad [1]*, Fariba Keshavarzi [1], Saeid Tamadoni Jahromi [2] and Samira Vahidinejad [1]

[1] Department of Fisheries, Faculty of Marine and Atmospheric Science and Technology, University of Hormozgan, Bandar Abbas, Iran
[2] Department of Genetics, Persian Gulf and Oman Sea Research Center, Bandar Abbas, Iran

Abstract

Banana shrimp *Fenneropenaeus merguiensis* is one of the most important shrimp species in the Persian Gulf compromising about 60% of total shrimp catch in Hormozgan Province. Regarding the importance of banana shrimp in fisheries industry, phylogeny and genetic structure of the population of this in Laft and Sirik estuaries in the Persian Gulf was investigated using mitochondrial 16S rRNA gene sequencing. Results of 16S rRNA gene sequencing of 10 shrimps including 448 aligned base pairs yielded one monomorphic locus, 447 polymorphic loci and seven haplotypes. No insertions and deletions were observed. F- statistic parameter at 95% level of confidence was 0.14 and was not significant between the two populations (P value= 0.08). Phylogenetic trees did not show a differentiated geographical structure between the two regions. Mean values of Tajima's D and Fu's Fs between the regions were 2.61 and 10.33, respectively. Insignificant values of these tests are indicative of no expansion of *F. merguiensis* population between the two regions. Haplotype and nucleotide diversity of the shrimps were 0.933 ± 0.004 and 0.802 ± 0.672, respectively for the two regions. The results of this study revealed that *F. merguiensis* populations of Laft and Sirik estuaries had high levels of genetic diversity but regarding the value of F- statistic parameter and its significance level, the existence of genetically similar populations could not be deducted with high level of confidence. The results of present study could be considered in fisheries management for restocking programs and conservation of genetic diversity of populations.

Key words: Phylogeny, Persian Gulf, Laft and Sirik estuaries, Jinga shrimp, *Fenneropenaeus merguiensis*, 16S rRNA

* sourinejad@hormozgan.ac.ir