

شناسایی مولکولی و ارزیابی ژنتیکی ماهی شیر *Scomberomorus commerson* بر اساس D-Loop ژنوم میتوکندریایی در خلیج فارس، دریای عمان و دریای عرب با استفاده از تکنیک High Resolution Melting Real Time PCR

چکیده

ماهی شیر (*Scomberomorus commerson*) از خانواده تون ماهیان (Scomberidae) بوده و از نظر اقتصادی و اکولوژیکی دارای اهمیت زیادی می‌باشد. در این بررسی شناسایی مولکولی و تمایز ژنتیکی این ماهی بر اساس منطقه D-loop ژنوم میتوکندریایی با استفاده از تکنیک HRM-Real Time PCR صورت پذیرفته است. برای این کار، ۱۰۰ نمونه ماهی شیر از ۴ منطقه بوشهر، دوحه، جاسک و کراچی تهیه و پس از استخراج ژنوم آن‌ها با انجام واکنش HRM-Real Time PCR با استفاده از رنگ SYTO 9، گروه‌بندی صورت پذیرفت. سرگروه‌ها برای آب‌های بوشهر در ۸ گروه، دوحه ۶ گروه، جاسک ۹ گروه و کراچی ۶ گروه دسته‌بندی شدند و در نهایت پس از بررسی نمونه‌ها، در واکنش نهایی HRM-Real Time PCR، ۲۰ گروه حاصل شد. نمونه‌های منتخب با انجام مجدد واکنش زنجیره‌ای پلیمر از برای تعیین توالی ارسال شدند. نتایج به‌دست‌آمده از تعیین توالی با توالی‌های موجود در بانک ژنی NCBI مقایسه شده و جنس و گونه ماهی شیر *S. commerson* شناسایی شد. سپس با رسم درخت فیلوژنی توسط توالی‌های به‌دست‌آمده و مشاهده تمایز ژنتیکی، مشخص شد که این تکنیک می‌تواند به‌عنوان یک تکنیک مؤثر در تفکیک و گروه‌بندی نمونه‌ها برای بررسی‌های جمعیتی و سرعت بخشیدن به روند تحقیق مورد استفاده قرار گیرد.

واژگان کلیدی: ماهی شیر، تون ماهیان، خلیج فارس، دریای عمان، دریای عرب، HRMA.

آنا منصور کیانی^۱

پرگل قوام مصطفوی^{۲*}

سید محمدرضا فاطمی^۳

فرهاد کی مرام^۴

علی ناظمی^۵

۱، ۲ و ۳. دانشکده علوم و فنون دریایی، واحد

علوم و تحقیقات تهران، دانشگاه آزاد اسلامی،

تهران، ایران

۴. سازمان تحقیقات شیلات، تهران، ایران

۵. گروه زیست‌شناسی، واحد تنکابن، دانشگاه آزاد

اسلامی، تنکابن، ایران

*مسئول مکاتبات:

gh.mostafavi@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۰۵/۰۵

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۰۹/۰۳

این مقاله برگرفته از رساله دکتری است.

مقدمه

تون ماهیان (Scombridae)، گروهی بسیار باارزش از ماهیان اقتصادی هستند که به‌صورت تازه، یخ‌زده و کنسروی به بازار عرضه می‌شوند. آن‌ها در اقیانوس‌های حاره و نیمه حاره جهان پراکنش دارند (Collette and Nauen, 1983). ماهی شیر (Lacépède, 1800) *Scomberomorus commerson* از خانواده تون ماهیان (Scombridae) و از راسته Perciformes یک ماهی شکارگر منطقه سطح زی می‌باشد که پراکنش وسیعی در آب‌های گرمسیری هند آرام داشته (Mc pherson, 1992) این ماهی که انتشار تقریباً جهانی دارد، در سراسر آب‌های مناطق ساحلی اقیانوس هند، آرام، دریای سرخ، شرق آفریقا، دریای عرب، خلیج فارس، سواحل هند، آسیای جنوب شرقی، شمال چین، ژاپن، استرالیا و ... مشاهده می‌شود و از نظر اکولوژی در محدوده فلات قاره آب‌های ساحلی کم‌عمق (معمولاً در عمق‌های ۱۰ تا ۷۰ متری)

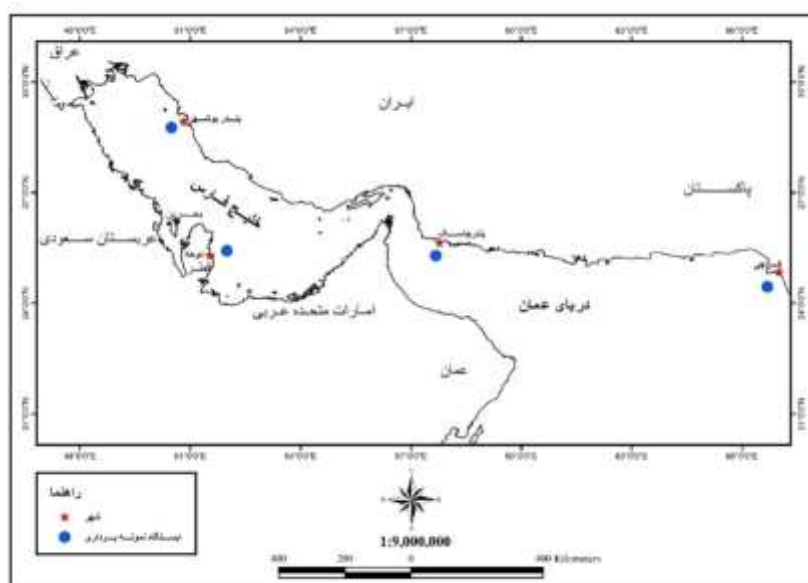
دیده می‌شود (Claereboudt et al., 2005). همچنین در تمامی مناطق جغرافیایی پراکنش خود، از ماهیان مهم در صید تجاری، سنتی و تفریحی محسوب می‌گردد (Collette and Nauen., 1983). طبق آمار به‌دست‌آمده از سازمان تحقیقات شیلات ایران میزان صید سالانه این ماهی *S. commerson* در طی سال‌های ۱۳۸۸ تا سال ۱۳۹۲ از ۷۶۹۱ تن در سال ۱۳۸۸ به ۲۰۱۳۷ تن در سال ۱۳۹۲ رسیده است (شیلات ایران، ۱۳۹۳).

مطالعات ژنتیک مولکولی جمعیت‌های طبیعی، وابسته به نشانگرهای چندشکلی می‌باشد که امکان بررسی ساختار جمعیتی و ایجاد داده‌های علمی برای تنظیم برداشت به‌منظور حفظ جمعیت‌های ضعیف‌تر و مدیریت منابع شیلاتی را میسر می‌سازد. در بیشتر گونه‌ها ژنوم میتوکندریایی از تغییرپذیرترین نشانگرها و به‌عنوان یک نشانگر خوب برای کشف تمایزهای ژنتیکی می‌باشد (Okumus and Ciftci, 2003). با توجه به وراثت مادری ژنوم میتوکندریایی، برای شناخت بهتر و درک عمیق‌تر ساختار ژنتیک جمعیت، جریان ژنی، هیبریدیزاسیون، جغرافیای زیستی و روابط فیلولوژی موجودات مختلف استفاده می‌شود (Avise et al., 1987; Bartlett and Davidson, 1991).

روش‌های ژنتیکی از مهم‌ترین ابزارها برای تعیین ساختار ژنتیکی ذخایر و ارزیابی سطوح و الگوهای تنوع ژنتیکی در ماهی‌ها می‌باشند (Liu, Z.J. and J.F. Cordes, 2004). تکنیک High Resolution Melting (HRM)-Real Time PCR یکی از روش‌های جدید برای آنالیز DNA است که برای اولین بار در سال ۲۰۰۲ معرفی شد. ساده‌ترین روش برای تعیین ژنوتیپ، بررسی جهش و تطابق سکانس می‌باشد که کاربرد آن در حال افزایش است و در آن نیازی به جداسازی یا پردازش نمونه‌ها نمی‌باشد. پس از تکثیر توسط واکنش PCR منحنی‌های ذوب، توسط پایش تشعشع رنگ اشباعی که واکنش زنجیره‌ای پلیمراز را مهار نمی‌کند، ایجاد می‌شود (Gudrun H Reed et al., 2007). اگرچه *S. commerson* در خلیج فارس و دریای عمان به‌عنوان یک گونه در معرض خطر در نظر گرفته نمی‌شود ولی با توجه به خزانه ژنی در این مناطق و کاهش جمعیت هشدار جدی برای در معرض خطر قرار گرفتن این گونه می‌باشد و بنابراین استراتژی مدیریت ژنتیکی موردنیاز ضروری است (عابدی و همکاران، ۱۳۸۹، ۲۰۱۲) (Abedi, 2012).

مواد و روش‌ها

تعداد ۱۰۰ عدد از ماهی شیر *S. commerson* (۲۵ نمونه از هر منطقه به‌طور جداگانه) از خلیج فارس، دریای عمان و دریای عرب از بندرها صیادی بوشهر و دوحه در خلیج فارس، جاسک در دریای عمان و کراچی در دریای عرب در طی دوره زمانی ۶ ماهه آبان ۱۳۹۲ الی اردیبهشت ۱۳۹۳ توسط تور گوش‌گیر جمع‌آوری گردید. نمونه‌گیری از باله پشتی ماهی‌ها انجام و به تیوب‌های حاوی اتانول ۹۵ درصد (Kumar et al., 2014) منتقل گردید و پس از جمع‌آوری، نمونه‌ها در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد فریزر، برای انجام آزمایش‌ها و مطالعات ژنتیکی نگهداری شدند. شکل ۱ موقعیت ایستگاه‌های نمونه‌برداری در سواحل خلیج فارس، دریای عمان و دریای عرب را نشان می‌دهد.



شکل ۱: موقعیت ایستگاه‌های نمونه‌برداری در خلیج فارس (بوشهر و دوحه)، دریای عمان (جاسک) و دریای عرب (کراچی).

کل ژنوم موجود در سلول (DNA هسته‌ای و میتوکندریایی) با استفاده از کیت (High Pure PCR Template preparation Kit Roche Cat.no.11796828001) استخراج و به‌منظور تعیین کیفیت و کمیت و تعیین غلظت و خلوص DNA استخراجی از روش‌های الکتروفورز و اسپکتروفتومتری استفاده گردید. الکتروفورز ژنوم‌ها از طریق ژل ۱ درصد انجام پذیرفت. جهت تکثیر ناحیه D-loop (قطعه حدود ۵۰۰ جفت بازی) ژنوم میتوکندریایی از آغازگرهای رفت و برگشت (5'-Forward: CCGGACGTCGGAGGTTAAAAT-3')، (5'-Reverse: AGGAACCAAATGCCAGGAATA) استفاده شد (Meneses *et al.*, 2006).

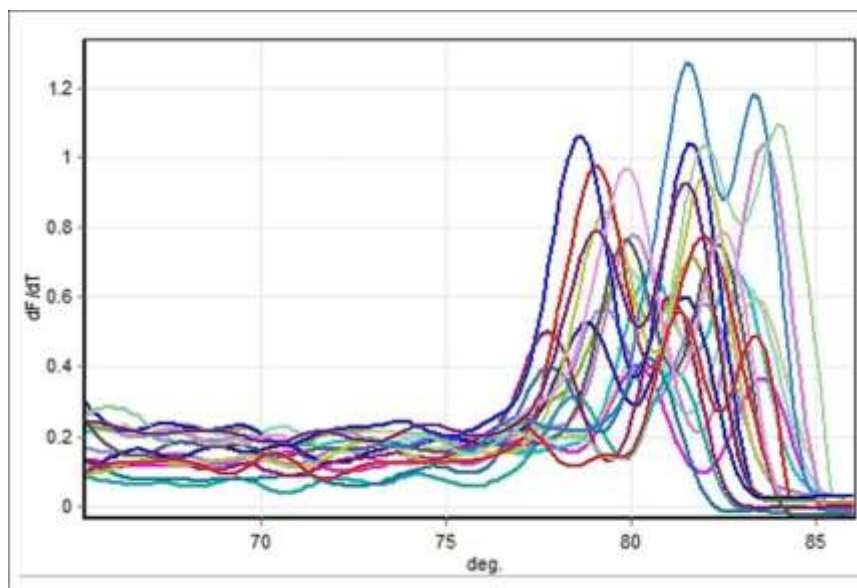
واکنش HRM-Real Time PCR در حجم ۲۵ میکرو لیتری شامل ۵۰ نانوگرم از DNA ژنومی، ۵۰ میلی مولار، KCl ۱۰ میلی مولار، $MgCl_2$ ۱/۵ میلی مولار، dNTPs ۰/۲ میلی مولار، ۰/۳ پیکومول از هر پرایمر و ۱/۵ واحد از Taq DNA Polymerase و SYTO 9 توسط دستگاه Corbett 6000 انجام پذیرفت. شرایط بهینه Real Time PCR اجرا شده بر روی DNA ها بدین صورت بود: پروفایل واکنش شامل یک واسرشت شدن (denaturing) اولیه دو رشته در ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه، با تعداد ۳۰ سیکل انجام شده که هر کدام شامل ۳۰ ثانیه واسرشت شدن در ۹۴ درجه سانتی گراد، ۵۴ ثانیه چسبیدن پرایمرها (annealing) در ۵۶ درجه سانتی گراد، ۳۰ ثانیه ساخته شدن رشته مکمل (extension) به دنبال پرایمرها در ۷۲ درجه سانتی گراد و سپس در پایان واکنش، ۵ دقیقه ساخته شدن رشته مکمل در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. HRM از ۶۵ الی ۸۷ درجه سانتی گراد با شیفت حرارتی ۰/۱ درجه سانتی گراد در هر ۵ ثانیه انجام گرفت. سپس گروه‌بندی (بر اساس تفکیک نقطه ذوب DNA) توسط آنالیز HRM (HRMA) انجام گردید؛ و میزان ۵ ماکرو لیتر از محصول PCR روی ژل آگارز ۲ درصد همراه با رنگ Gel red برای مشاهده باندها و اطمینان از کیفیت باندها استفاده شد.

جهت تعیین توالی و حصول حجم مناسب از محصول واکنش زنجیره‌ای پلیمر از برای توالی یابی، نمونه‌های منتخب مجدد تحت واکنش فوق‌الذکر قرارگرفته و پس از صحت انجام آن و عدم وجود آلودگی به شرکت Bioneer (Bioneer Sequencing Service) واقع در کره جنوبی ارسال شدند.

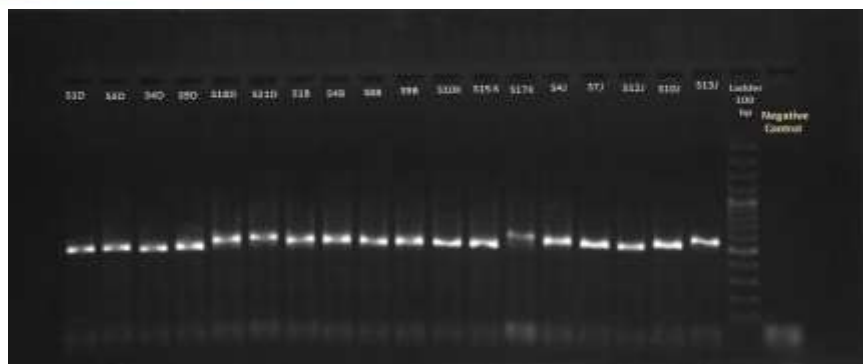
در این تحقیق توالی نمونه‌های منتخب پس از انجام توالی یابی با استفاده از نرم‌افزارهای (Hall, 1999) BioEdit Ver 7.0.1 برای بازبینی و اصلاح توالی‌ها و Blast برای شناسایی و تأیید گونه موردنظر در بانک ژنی NCBI و با استفاده از برنامه CLUSTAL W از نرم‌افزار MEGA 6.06 (Tamura et al., 2013) یا استفاده از مدل “Kimura 2-parameter model” و Transitions به همراه Transversions به‌منظور پاره‌ای از محاسبات و رسم درخت فیلوژنی neighbor joining tree با bootstrap 1000 استفاده گردید و از نرم‌افزار CLC Viewer 6.5.2 برای هم ترازی توالی‌ها استفاده گردیده است (Knudsen et al., 2011).

نتایج

نتایج گروه‌بندی توسط آنالیز HRM (HRMA) به ترتیب نشان داد که آب‌های دوحه (قطر) در ۶ گروه، بوشهر در ۸ گروه، جاسک در ۹ گروه و کراچی در ۶ گروه دسته‌بندی شدند. درنهایت، واکنش HRM-Real time PCR نمونه‌های منتخب چهار منطقه برای تعیین نمونه‌های منتخب نهایی انجام گرفت و نمودارهای ذوب (Melting) این واکنش در شکل ۲، آورده شده است. از ۲۹ گروه مرتبط با ۴ منطقه موردبررسی، درنهایت ۲۰ گروه نهایی از آنالیز HRM حاصل شد که در جدول ۱، نتایج گروه‌بندی به‌صورت نمونه‌های منتخب گروه‌ها به همراه نمونه‌های زیرمجموعه آورده شده است. تصویر ژل محصولات PCR نمونه‌های منتخب گروه‌ها در شکل ۳ آورده شده است.



شکل ۲: نمودارهای ذوب (Melting) از واکنش HRM-Real time PCR برای نمونه‌های منتخب گروه‌های چهار منطقه موردبررسی.

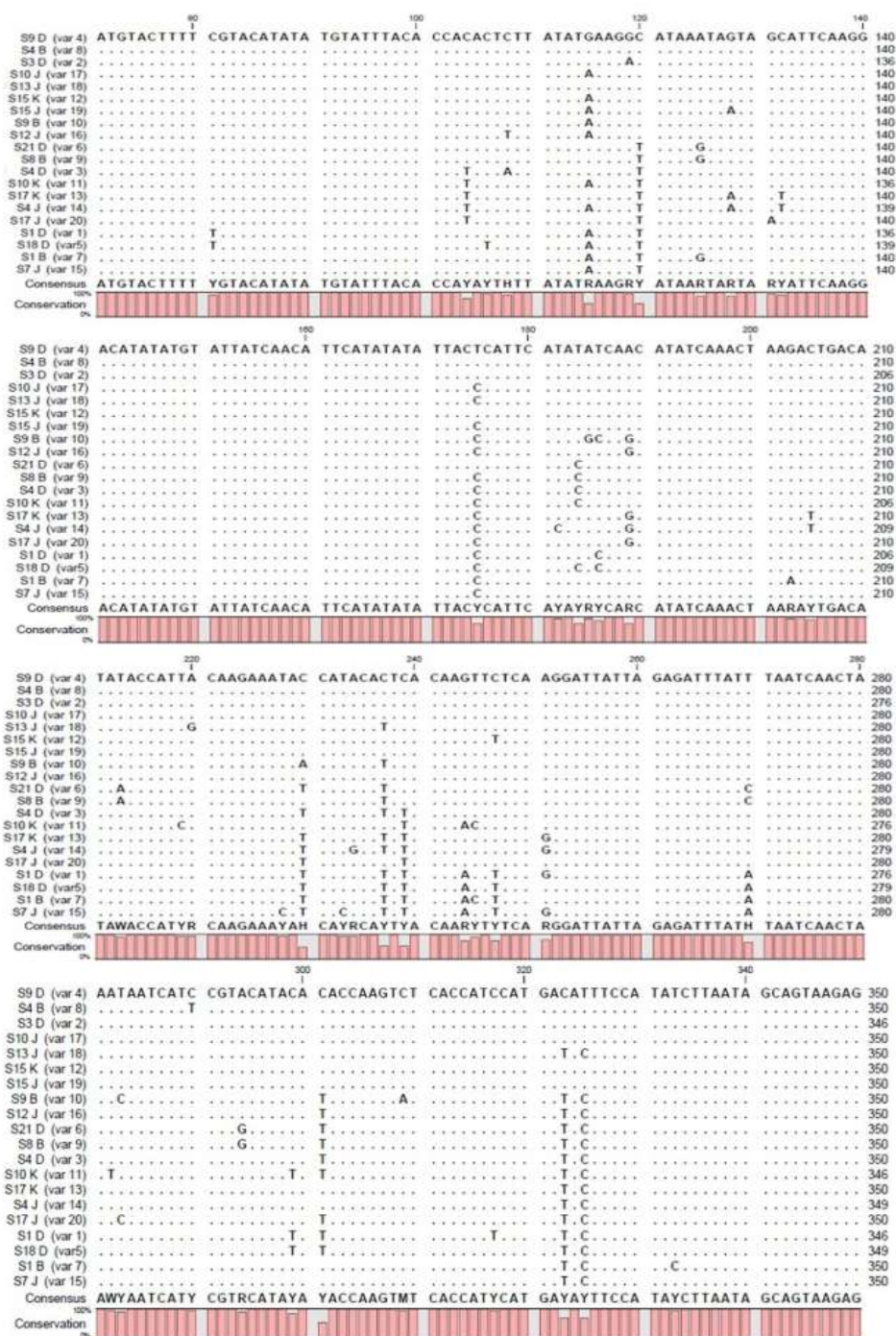


شکل ۳: الکتروفورز محصول PCR نمونه‌های منتخب گروه‌ها برای تعیین کیفیت.

جدول ۱: HRM گروه‌ها بر اساس آنالیز (S نمونه، Var گروه و مناطق با حروف B: بوشهر، D: دوحه، J: جاسک، K: کراچی).

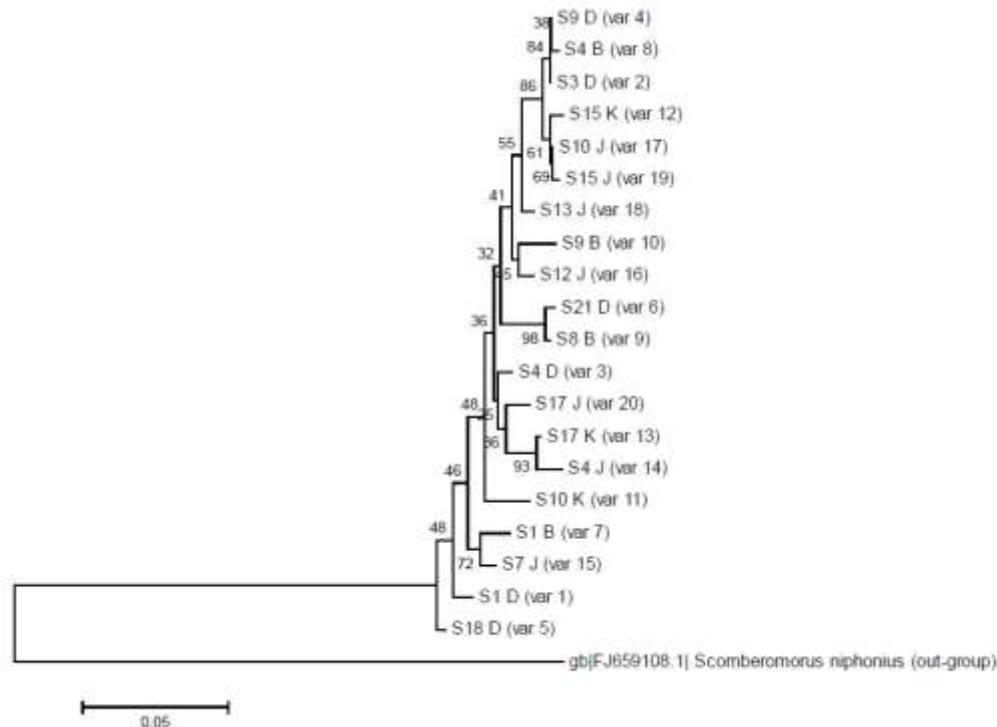
HRM گروه‌ها بر اساس آنالیز									
Var 1	Var 2	Var 3	Var 4	Var 5	Var 6	Var 7	Var 8	Var 9	Var 10
S ₁ D	S ₃ D	S ₄ D	S ₉ D	S ₁₈ D	S ₂₁ D	S ₁ B	S ₄ B	S ₈ B	S ₉ B
S ₂ D	S ₇ D	S ₁₁ D	S ₁₅ D	S ₁ J	S ₂ B	S ₃ B	S ₆ B		
S ₅ D	S ₁₀ D	S ₁₂ D	S ₁₆ D	S ₁₄ J	S ₅ B	S ₈ K	S ₁₁ B		
S ₆ D	S ₁₃ D	S ₁₄ D	S ₁₇ D	S ₂₆ J	S ₇ B	S ₉ K	S ₁₉ B		
S ₈ D	S ₂₂ D	S ₂₄ D	S ₁₉ D		S ₁₀ B	S ₁₆ K			
S ₂₀ D	S ₂₁ B	S ₂₅ D	S ₂₃ D		S ₁₂ B	S ₁₈ K			
	S ₃ K		S ₁₄ B		S ₁₃ B				
	S ₇ K		S ₂₀ B		S ₁₅ B				
	S ₁₄ K		S ₂₂ B		S ₁₆ B				
	S ₁₉ K		S ₂₅ B		S ₂₈ B				
	S ₂₉ K		S ₂₆ B						
			S ₃₁ B						
			S ₁₁ K						
			S ₁₂ K						
			S ₂₄ K						
			S ₂₅ K						
			S ₂₈ K						
			S ₄ K						
HR گروه‌ها بر اساس آنالیز									
Var 11	Var 12	Var 13	Var 14	Var 15	Var 16	Var 17	Var 18	Var 19	Var 20
S ₁₀ K	S ₁₅ K	S ₁₇ K	S ₄ J	S ₇ J	S ₁₂ J	S ₁₀ J	S ₁₃ J	S ₁₅ J	S ₁₇ J
S ₂₃ K	S ₂₁ K	S ₂₂ K	S ₆ J	S ₂₈ J	S ₂₁ J	S ₁₆ J			
S ₂₆ K	S ₂₇ K	S ₃₁ K		S ₁₇ B	S ₂₃ J	S ₁₈ J			
	S ₃₀ K	S ₂₀ J			S ₂₄ J	S ₂₅ J			
		S ₁₁ J				S ₂₇ J			
						S ₃₁ J			
						S ₃₂ J			
						S ₃₃ J			

نتایج Blast توالی‌ها همگی جنس و گونه *Scomberomorus commerson* را با همولوژی بالای ۸۰ درصد نشان دادند نتایج هم‌ترازی‌ها تفاوت‌های نوکلئوتیدی منطقه D-loop سرگروه‌ها را مشخص کرد. درخت فیلوژنی ترسیم‌شده در شکل ۵ آورده شده است که شاخه‌های مختلف و تمایزات در درخت فیلوژنی ایجادشده نیز مشاهده شدند.



شکل ۴: هم ترازوی ۲۰ نمونه منتخب که توسط نرم‌افزار CLC Viewer انجام و محدوده تفاوت‌ها آورده شده است.

R: A/G (purine), Y: C/T (Pyrimidine), M: A/C, W: A/T, S: C/G, K: G/T, B: C/G/T, D:)
(A/G/T, H: A/C/T, V: A/C/G, N: A/C/G/T



شکل ۵: درخت فیلوژنی ۲۰ نمونه منتخب، شماره دسترسی به توالی های ثبت شده در بانک ژنی NCBI برای

نمونه‌های S4B, S1D, S4J, S15K به ترتیب (LC101261.1 - LC101262.1 - LC101263.1 -

LC101264.1), S17K (LC101268.1), S3D (LC101270.1) می‌باشند و باقی در حال ثبت شدن هستند.

بحث و نتیجه‌گیری

در خصوص شناسایی مولکولی تون ماهیان و روابط فیلوژنتیکی آن‌ها مطالعات زیادی صورت پذیرفته است. تحقیقاتی بر روی شناسایی گونه‌های مختلف ماهیان با استفاده از تکنیک HRM همانند تحقیق جاری انجام پذیرفته است. بررسی‌های زیادی با استفاده از فن‌های PCR-Multiplex PCR, RFLP و تعیین توالی به‌طور مستقیم از منطقه D-Loop صورت پذیرفته است اما آنالیز High Resolution Melting، تفاوت‌ها را در توالی DNA با نشان دادن کاهش فلورسانس، زمانی که DNA تحت ذوب شدن توسط افزایش دما تکرشته‌ای می‌شود، در نمودارهای ذوب مشخص می‌نماید. HRM-Real Time PCR، یک تکنیک تعیین ژنوتیپ سریع، ارزان و بسیار حساس از نظر دقت بوده که محدودیت‌های دیگر آنالیزهای Post-PCR را کاهش می‌دهد که این تکنیک (HRMA) برای شناسایی ژنتیکی ۶ گونه از تون ماهیان در خلیج مکزیک بکار برده شد و نمودارهای Melting از ژن ND4 برای ۶ گونه از تون ماهیان با استفاده از پرایمرها و هم‌چنین با

استفاده از unlabeled probe به دست آمدند و نیز نشان داد که این تکنیک ارزیابی سریع تر و کم هزینه تری را نسبت به سایر روش های شناسایی ژنتیکی داشته است (Perales et al., 2011). در سال ۲۰۰۹ روی تکنیک های مختلف PCR برای شناسایی گونه های مختلف ماهیان تحقیقی انجام شده است و در میان ده روش اصلی، سه روش PCR-RFLP, PCR-FINS و PCR با پرایمر های تخصصی بیشترین کاربرد را داشته اند. Real-time PCR یکی دیگر از روش های جدید و کاربردی در شناسایی مولکولی گونه های مختلف ماهیان بوده است (Teletchea, 2009).

در سال ۱۳۸۹ با استفاده از همین تکنیک شناسایی مولکولی باکتری های اسیدلاکتیک شیرهای خام ارتفاعات البرز مرکزی را انجام دادند و اهمیت و دقت این تکنیک در گروه بندی نمونه ها و نیز امکان کاهش فوق العاده زمان و هزینه از نتایج این تحقیق بوده است (فرقانی و همکاران، ۱۳۸۹). با توجه به سریع و اقتصادی بودن و ضریب اطمینان بالای روش HRM از این روش برای مطالعات جمعیتی، شمشیر ماهی (*Xiphias gladius*) از مناطق اطلس شمالی و جنوبی، مدیترانه، هاوایی و شیلی استفاده شد و نشان داده شد که HRMA یک روش تعیین ژنو تیپ قوی برای مطالعه جمعیت های وحشی می باشد (Smith et al., 2009).

همانطور که در جدول ۱ گروه بندی حاصل از آنالیز HRM مشاهده می گردد تعداد زیادی از نمونه ها با استفاده از تکنیک HRM Real Time PCR در گروه های مختلف دسته بندی گردیدند که نشان از نقطه ذوب یکسان DNA نمونه های هر گروه می باشد؛ بنابراین با این تکنیک از انجام توالی یابی برای گونه های مشابه صرف نظر گردیده است.

نمونه های S9D و S4B و S3D که در درخت فیلوژنتیکی ترسیم شده در یک خوشه قرار گرفتند با مقایسه نتایج هم ترازوی نمونه ها نشان داد که کمترین تفاوت های نوکلئوتیدی میان شان مشاهده شد.

نتایج به دست آمده از هم ترازوی توالی های ۲۰ نمونه منتخب تفاوت های نوکلئوتیدی میان نمونه های منتخب گروه ها را با استفاده از SNPs های حاصل در شکل ۳ به دست داد. توالی ها روی درخت فیلوژنی تمایزات قابل ملاحظه ای را نشان دادند و طبق بررسی های انجام شده از آنالیزهای نمودارهای ذوب و HRM و همچنین ایجاد درخت فیلوژنتیک توسط توالی های به دست آمده با نرم افزار MEGA 6.06 و مشاهده تمایز مشخص شد که این تکنیک می تواند به عنوان یک تکنیک مؤثر در تفکیک و گروه بندی نمونه ها برای بررسی های ژنتیکی و سرعت بخشیدن به روند تحقیق عمل کند و همچنین می توان در زمان محدود دامنه وسیعی از جمعیت را مورد بررسی قرار داد. از آنجائی که این تکنیک یک تکنیک امن و بسته ای از لحاظ آلودگی و خطای آزمایش می باشد تا حد زیادی به دقت بررسی ها کمک کرده و سطح دقت را تا حد زیادی بالا می برد.

سپاسگزاری

از زحمات محمد اسکندری و محمدتقی آژیر که در انجام امور آزمایشگاهی ما را یاری رساندند و از مسئولان آزمایشگاه دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات تهران و دانشگاه آزاد اسلامی تنکابن کمال تشکر و قدردانی می شود.

منابع

عابدی، ا.، محمدی، م. و قاسمی، ا.، ۱۳۹۰. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت های ماهی قباد (*Scomberomorus guttatus*) خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره. اقیانوس شناسی. سال دوم، شماره ۶ صفحات ۲۱-۱۵.

فرقانی، ف.، ناظمی، ع.، شریفی، ش. و اسکندری، م.، ۱۳۸۹. جداسازی و شناسایی مولکولی باکتری‌های اسیدلاکتیک شیرهای خام ارتفاعات البرز مرکزی با استفاده از High Resolution Melting Real Time PCR و 16S rDNA PCR Sequencing. زیست‌فناوری میکروبی دانشگاه آزاد اسلامی. سال دوم، شماره ۵. صفحات ۲۸-۲۱.

معاونت برنامه‌ریزی و توسعه مدیریت شیلات، ۱۳۹۳. سالنامه آماری شیلات ایران.

Abedi, E., Zolgharnein, H., Salari, M. A. and Qasemi, A., 2012. Genetic Differentiation of Narrow-Barred Spanish Mackerel (*Scomberomorus commerson*) Stocks Using Microsatellite Markers in Persian Gulf. American-Eurasian. Journal Agriculture and Environmental Sciences, 10: 1305-1310.

Avise, J. C. Arnold, J. and Ball, R. M., 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA Bridge between population genetics and Systematics. Ann Rev Ecol Systematic. 18:489-522

Bartlett, S. E., and Davidson, W. S., 1991. Identification of *Thunnus* species by the polymerase chain reaction and direct sequence analysis of their mitochondrial cytochrome b genes. Canadian Journal of Fish and Aquatic Science 48: 309-317.

Claereboudt, M. R., McIlwain, J. L., Al-Oufi, H. S., and Ambu- Ali, A. A., 2005. Patterns of reproduction and spawning of the kingfish (*Scomberomorus commerson*) in the coastal waters of the Sultanate of Oman. Fish Research, 73:273- 282.

Collette, B. B. and Nauen, C. E., 1983. FAO species catalogue Scombrids of the world. An annotated and illustrated catalogue of tunas, mackerels, bonitos and related species known to date. FAO Fish. Synop. 125(2). 137 pp.

Gudrun, H. R., Kent, J. O. and Wittwer, C. T., 2007. High- resolution DNA melting analysis for simple and efficient molecular diagnostics. Pharmacogenomics, 8(6): 597-608.

Hall, T. A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series, 41: 95-98.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S., 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Molecular Biology and Evolution. 30: 2725-2729.

Kumar, S., Dudley, J., Nei, M. and Tamura, K., 2008. MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Briefings in Bioinformatics*, 9: 299-306.

Kumar, G., Kunal, S. P., Menezes, M. R. and Kocour, M., 2014. Genetic divergence between *Auxis thazard* and *A. rochei* based on PCR- RFLP analysis of mtDNA D-loop region. Turkish journal of fisheries and aquatic sciences. 14:539-546.

Liu, Z. J. and Cordes, J. F., 2004. DNA marker technologies and their applications in aquaculture, genetics. Aquaculture, 238: 1-37

McPherson, G. R., 1992. Age and Growth of the Narrow-barred Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson* LacP and de, 1800) in North-eastern Queensland Waters. Australia Journal Marine Freshwater Research. 43: 1269-82.

Menezes, M. R., Ikeda, M. and Taniguchi, N., 2006. Genetic variation in skipjack tuna *Katsuwonus pelamis* (L.) using PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA D-loop region. Journal of Fish Biololy. 68:156-161.

Okumus, I. and Ciftci, Y., 2003. Fish population genetics and molecular markers: II- molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture. Turkish Journal of fisheries and Aquatic Sciences. 3:51-79.

Perales, B., Smith, B. L. and Alvarador Bremer, J. R., 2011. Genetic Identification of Tuna Species via High-Resolution Melting Analysis, California State University Monterey Bay

Smith, B. L. Lu, C. P. and Alvarado Bremer, J. R., 2009. High-resolution melting analysis (HRMA): a highly sensitive inexpensive genotyping alternative for. Molecular Ecology Resources.

Teletchea, F., 2009. Molecular identification methods of fish species: reassessment and possible applications. Rev fish Biology Fisheries. 19:265-293.

