تنوع ژنتیکی ماهی صبور (*Tenualosa ilisha* (Hamilton, 1822)) در خلیج‌فارس با استفاده از نشانگرهای AFLP

حکیمه فکراندیش[1*]
عبدالرحیم پذیرا[2]
حسین ماهری[3]

۱، ۲، ۳. دانشگاه آزاد اسلامی، واحد بوشهر، گروه شیلات، بوشهر، ایران.

*مسئول مکاتبات:
hfekrandish@yahoo.com

کد مقاله: ۱۴۰۱۰۲۰۹۵۰
تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۰/۱۵
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۲۷
این مقاله پژوهشی و برگرفته از پایان‌نامه کارشناسی ارشد است.

چکیده

ماهی صبور (*Tenualosa ilisha*) یک‌گونه سطح زی دریایی است که برای تخم‌ریزی به رودخانه کوچ می‌کند. به‌منظور بررسی تنوع، تمایز و ساختار جمعیت ماهی صبور با استفاده از نشانگر چندشکلی طولی قطعه تکثیرشده (Amplified Fragment Length Polymorphism) در آب‌های شمال خلیج‌فارس از مناطق آبادان، دیلم و بوشهر، از بافت باله دمی درمجموع ۲۵ ماهی در خردادماه ۱۳۹۹ نمونه‌برداری گردید. سپس نمونه‌های موردبررسی در اتانول ۹۶ درصد فیکس شده و به آزمایشگاه انتقال یافت. پس از استخراج DNAاز بافت‌ها به روش فنل کلروفرم، در بررسی تنوع ژنتیکی با روش AFLP، از پنج ترکیب پرایمری MseI/EcorI استفاده شد. سپس آنالیز ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزارهای GeneAlex، Popgen و TFPGA انجام شد. این پنج ترکیب پرایمری مجموعاً ۲۶۳ باند قابل امتیازدهی و ۳۲ باند پلی‌مورف تولید کردند. آنالیز داده‌ها نشان داد که میانگین درصد لوکوس‌های پلی‌مورفیسم در بین سه جمعیت ماهیان صبور ۱۱/۹۹ درصد، میانگین تنوع ژنتیکی ۰/۰±۲۸۵/۰۲۹ و میانگین شاخص شانون ۰/۴۲۹ بود که نشان از تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها داشت. نتایج آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) در سطح ۹۹ درصد اختلاف بین سه جمعیت را ۲۰ درصد و درون جمعیت‌ها را ۸۰ درصد نشان داد. بر اساس تجزیه‌وتحلیل مؤلفه PCA و دندروگرام فاصله ژنتیکی (UPGMA) مشخص گردید که میزان تفکیک جمعیت‌ها بر اساس فاصله جغرافیایی آن‌ها از یکدیگر بوده است. به‌طوری‌که نمونه‌های آبادان و دیلم کمترین فاصله ژنتیکی و نمونه‌های بوشهر و آبادان بیشترین فاصله ژنتیکی را دارند. آنچه از مطالعه حاضر می‌توان برآورد نمود این است که جمعیت‌های مجزایی از این ماهی در خلیج‌فارس وجود دارد.

واژگان کلیدی: تنوع ژنتیکی، جمعیت، ماهی صبور، نشانگر AFLP، خلیج‌فارس.

مقدمه

ماهی صبور یک‌گونه پلاژیک–نریتیک و رود کوچ است که در آب‌های گرمسیری تا عمق ۲۰۰ متر یافت می‌شود. به‌طور عمده فیلتر کننده و پلانکتون خوار است، اما در بسترهای گلی کرم نیز می‌خورد. این ماهی در آب‌های خلیج‌فارس، بخش شمالی خلیج بنگال، دریای عرب، بخش جنوبی دریای چین، دیده می‌شود (Sultana *et al*., 2022).

ماهی صبور فقط در بخش‌های شمالی خلیج‌فارس، در محدوده شمال غربی خلیج، شمال تا مصب رودخانه شط العرب در عراق و رودخانه‌های دیگر در ایران پراکنش دارد. این ماهی در رودخانه شط العرب تا منطقه تالابی بزرگ شمال شهر بصره، عراق بالا می‌رود. بالاترین محدوده پراکنش شمالی تالاب‌الحمر، ۱۸۰ کیلومتری شمال شهر بصره تا ۲۲۰ کیلومتری در رود کارون و انشعاباتش در ایران می‌باشد (Al-Yamani *et al*., 2007).

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

بر اساس اطلاعات موجود در این منطقه یک کاهش ۲۰ تا ۲۵ درصدی در میزان صید ماهی صبور در خلیج‌فارس در ۱۰ سال گذشته رخ داده است. علاوه بر صیادی، این‌گونه از طریق شوری و کاهش گسترده زیستگاه مردابی ناشی از احداث سدها تهدید می‌گردد و به‌عنوان گونه‌ای نزدیک به انقراض در لیست ثبت‌شده استاین کاهش احتمالاً ناشی از صید بیش‌ازحد می‌باشد. این ماهی گونه‌ای به‌شدت آسیب–پذیر در رودخانه شط العرب است که به علت مسدود شدن مسیر مهاجرت مولدین به مکان‌های تخم‌ریزی با تور گوش‌گیر در رودخانه تیگراس، اوفراتس و کارون می‌باشد. عوامل طبیعی دیگر (آلودگی، سدها، توسعه سواحل) جریان آب شیرین طبیعی را محدود کرده و مکان‌های تخم‌ریزی برای این‌گونه را به‌طور دائمی تخریب کرده است (IUCN, 2022).

از مسائل مهم بیولوژی و اکولوژی ماهی صبور شناخت تنوع درون‌گونه‌ای و جمعیت‌های آن می‌باشد که می‌تواند به حل مسائل بیولوژی، اکولوژی، حفاظت و ارزیابی ذخایر آن کمک کند. ازآنجایی‌که اطلاعات در مورد ژنوم ماهی صبور در حال حاضر اندک می–باشد، در این پروژه با استفاده از روش AFLP به بررسی ساختار جمعیتی این‌گونه در خلیج‌فارس پرداخته می‌گردد. نشانگر AFLP دارای کارایی بسیار در ارزیابی تنوع درون جمعیتی و بین جمعیت‌ها می‌باشند. در این روش نیاز به اطلاعات اولیه از ژنوم موجود نمی‌باشد و حتی اگر هیچ اطلاعی از توالی ژنوم گونه موجود نباشد محدودیت ایجاد نمی‌کند، به‌طور قابل‌ملاحظه‌ای هزینه را در یک آنالیز کاهش داده و همچنین پلی مورفیسم زیادی را نشان می‌دهند (Hiransuchalert *et al*., 2020). تاکنون میزان تنوع ژنتیکی و فاصله ژنتیکی درون و بین جمعیت‌های ماهیان مختلفی در خلیج‌فارس با استفاده از نشانگرهای AFLP بررسی‌شده است. تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ماهی مید (*Liza klunzingeri*) در دو منطقه هندیجان و خور زیارت با استفاده از نشانگر مولکولی AFLP بررسی گردید. نتایج نشان داد ماهیان هندیجان و خور زیارت در دو گروه مجزا قرار دارند و این نشانگر قادر به تشخیص جمعیت‌های جدا از یکدیگر در این دو منطقه می‌باشد (فقیه‌احمدانی و همکاران، ۱۳۹۰). در تحقیقی دیگر شریفی و همکاران (۱۳۹۲) با بررسی تنوع ژنتیکی ماهی حلوا سیاه (*Paraestomateus niger*) در خلیج‌فارس ۳ جمعیت این‌گونه را در مناطق آبادان، بوشهر و بندرعباس شناسایی کردند. Fekrandish و همکاران (2015) در بررسی تنوع، تمایز و ساختار جمعیت ماهی زمین کن دم نواری (*Platycephalus indicus*) با استفاده از نشانگر AFLP در آب‌های شمال خلیج‌فارس، با نمونه‌برداری از شش منطقه در سواحل خوزستان (خور موسی و بحرکان)، بوشهر (شیف و مطاف) و هرمزگان (چارک و بندرعباس)، با استفاده از ۱۰ ترکیب پرایمری MseI/EcoRI نشان دادند که میانگین درصد لوکوس‌های پلی‌مورفیسم در بین شش جمعیت ماهیان زمین کن دم نواری ۵۷/۰۶ درصد، میانگین تنوع ژنتیکی ۰/۰۰۸±۰/۲۰۰ و میانگین شاخص شانون ۰/۰۱۱±۰/۳۰۰ بود که نشان از تنوع ژنتیکی بالای جمعیت‌ها داشت. حیات و همکاران (۱۳۹۳) در بررسی تنوع ژنتیکی ماهی کوتر دهان زرد با استفاده از نشانگر AFLP در خلیج‌فارس و دریای عمان، از ۵ ترکیب پرایمری MseI/EcoRI استفاده شد. این پنج ترکیب پرایمری مجموعاً ۲۰۳ باند قابل امتیازدهی و ۲۲ باند پلی‌مورف تولید کردند. آنالیز داده‌ها نشان داد که میانگین درصد لوکوس‌های پلی‌مورفیسم در بین سه جمعیت ماهیان کوتر دهان زرد ۱۰/۷۶ درصد، میانگین تنوع ژنتیکی ۰/۰۰۸±۰/۲۰۰ و میانگین شاخص شانون ۰/۰۳۱ ±۰/۴۳۲ بود که نشان از تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها بود.

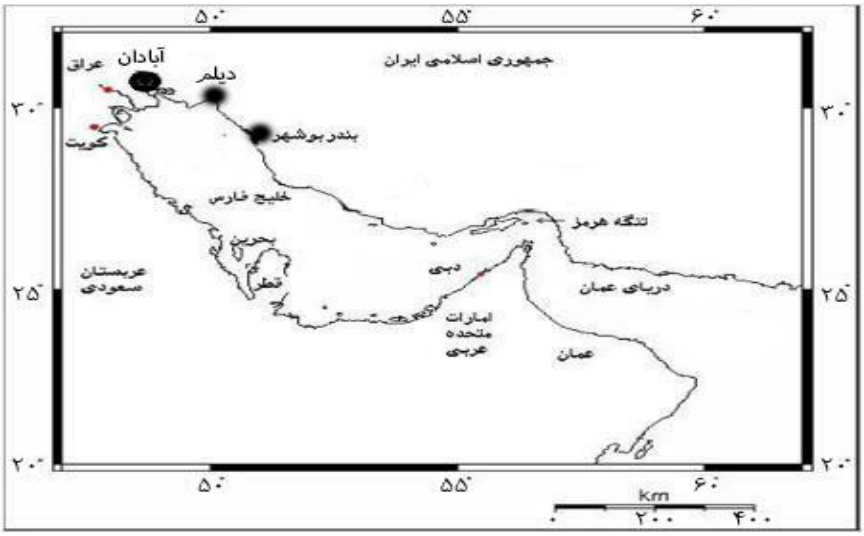
با انجام این پروژه جمعیت‌های این‌گونه، قرابت بین جمعیت‌ها و تنوع درون‌گونه‌ای به دست آمد که این اطلاعات در حفاظت، ارزیابی ذخایر و تکثیر و پرورش این‌گونه کاربرد زیادی دارد.

مواد و روش‌ها

با توجه به پراکنش ماهی صبور در آب‌های جنوب ایران، سواحل آبادان، دیلم و بوشهر در خلیج‌فارس به‌عنوان مناطق نمونه‌برداری انتخاب شدند (شکل ۱). بدین‌صورت که درمجموع ۲۵ نمونه ماهی صبور در خردادماه ۱۳۹۹ از مناطق موردنظر (۸ عدد ماهی صبور از آبادان، ۸ عدد ماهی از

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

دیلم و ۹ عدد ماهی از بوشهر) صید و به آزمایشگاه انتقال یافت. پس از بیومتری نمونه‌ها از بافت باله دمی آن‌ها نمونه‌برداری و در اتانول ۹۶ درصد فیکس گردید.



شکل ۱: نقشه مناطق نمونه‌برداری در خلیج‌فارس.

در این تحقیق DNA ژنومی با روش استاندارد فنل–کلروفرم از باله دمی جدا شد (Hillis and Moritz, 1990). آزمایش‌های مربوط به AFLP مطابق با پروتکل Vos و همکاران (۱۹۹۵) با اندکی تغییرات انجام شد. ابتدا ۳۰۰ng از DNA ژنومی با ۱۰ واحد آنزیم MseI و EcoRI در بافر آنزیم محدودکننده (10x) در دمای ۳۷ سانتی‌گراد به مدت ۲ ساعت هضم انجام شد.۵ میکرو لیتر محلول الحاق آداپتورهای دو رشته‌ای ۲/۵ میکرو لیتر بافر لیگاز T4 DNA (10x) + ATP، ۰/۵ میکرو لیتر پرایمرهای *Mse*I ۵ پیکو مول و EcoRI ۵۰ پیکو مول و ۰/۴ میکرو لیتر لیگاز T4 DNA (10x)) به ۲۰ میکرو لیتر محصول هضم آنزیمی اضافه شد و در دمای ۲۲ سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت قرار گرفت. واکنش PCR پیش انتخابی با استفاده از دستگاه مولد چرخه‌های حرارتی با یک جفت پرایمر حاوی یک نوکلئوتید اضافی در انتهای ۳' خود انجام شد. واکنش در دمای اتصال ۵۳ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه انجام شد. مخلوط حاصل ۱۰ برابر با آب مقطر رقیق شد و به‌عنوان الگو برای PCR انتخابی استفاده شد. واکنش PCR انتخابی در ۲۰ میلی‌لیتر حجم حاوی ۵ میلی‌لیتر محصول واکنش PCR پیش انتخابی، ۲ میکرو لیتر بافر 10X PCR، ۱ میکرو لیتر از هر dNTP ۲/۵ میلی مولار، ۱ میکرو لیتر از هر آغازگر MseI و EcoRI ۱۰ پیکومول و ۰/۳ میکرو لیتر از آنزیم تگ DNA پلیمراز ۰/۵ واحد بر روی یک گرادیان چرخه حرارتی انجام شد. برنامه چرخه‌های حرارتی با مشخصات چرخه اول یک چرخه ۲ دقیقه‌ای در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، چرخه وسط شامل واسرشته سازی: ۳۰ چرخه ۳۰ ثانیه‌ای در ۹۴ درجه سانتی‌گراد و ۳۰ چرخه ۳۰ ثانیه‌ای در ۶۵ درجه سانتی‌گراد (۱ درجه سانتی‌گراد در هر چرخه)، الحاق: ۳۰ ثانیه در دمای ۵۲ درجه سانتی‌گراد و بسط: ۹۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد و سپس چرخه سوم با مشخصات ۱ چرخه ۵ دقیقه‌ای در ۷۲ درجه سانتی‌گراد و ۱ چرخه ۳۰ ثانیه در ۲۰ درجه سانتی‌گراد بود. الکتروفورز محصولات PCR بر روی ژل پلی‌آکریل آمید ۶ درصد (PAGE) به مدت ۲/۵ ساعت در دستگاه DNAsequencing gel (۳۸×۳۰) ۷۵ وات انجام شد و درنهایت باندها با استفاده از تکنیک اصلاح‌شده رنگ‌آمیزی نیترات نقره از Zengو همکاران (2020) شناسایی شد. توالی آداپتورها و پرایمر های

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

AFLP در جدول ۱ فهرست شده است. پنج ترکیب پرایمر که برای تجزیه‌وتحلیل AFLP انتخاب شدند، عبارت بودند از: (E-ATC/M-CTG، E-AAG/M-CCC، E-ACC/M-CAG، E-ACT/M-CAT، E- AGC/M-CCT) (جدول ۱).

جدول ۱: توالی آداپتورها و پرایمر های مورداستفاده در مطالعه حاضر.

پرایمر		توالی
آداپتورها	EcoRI-Adaptor	´5 - GACGATGAGTCCTGAG – 3´
		´5 - TACTCAGGACTCAT - 3´
	MseI-Adaptor	´5 - CTCGTAGACTGCGTACC - 3´
		´5 - AATTGGTACGCAGTCTAC - 3´
پرایمر های PCR پیش انتخابی	EcoRI	´5-GACTGCGTACCAATTC-3´
	MseI	´5-GATGAGTCCTGAGTAA-3´
پرایمر های PCR انتخابی	E-ATC/M-CTG	´5-GACTGCGTACCAATTCATC-3´ ´5-GATGAGTCCTGAGTAACTG-3´
	E-AAG/M-CCC	´5-GACTGCGTACCAATTCAAG-3´ ´5-GATGAGTCCTGAGTAACCC-3´
	E-ACC/M-CAG	´5-GACTGCGTACCAATTCACC-3´ ´5-GATGAGTCCTGAGTAACAG-3´
	E-ACT/M-CAT	´5-GACTGCGTACCAATTCACT-3´ ´5-GATGAGTCCTGAGTAACAT-3´
	E-AGC/M-CCT	´5-GACTGCGTACCAATTCAGC-3´ ´5-GATGAGTCCTGAGTAACCT-3´

باندها به‌صورت وجود (۱) یا عدم وجود باند (۰) امتیازدهی شدند و داده‌ها به نرم‌افزار Excel منتقل گردید و معیارهای مختلف تنوع درون جمعیتی موردبررسی و محاسبه قرار گرفت. آنالیز آماری درصد باند پلی مورفیسم، تعداد آلل‌های مشاهده‌شده Na، تعداد آلل‌های مؤثر Ne، تنوع ژنتیکی، شاخص شانون I، میزان شباهت و فاصله ژنتیکی بر اساس Nei (۱۹۷۸)، میزان F_{st} (Excoffier *et al.*, 2005) آنالیز واریانس مولکولی (تست AMOVA) در سطح خطای۰/۰۱ در نرم‌افزار GeneAlex (Peakall and Smouse, 2006) و نرم‌افزار Popgen (Yeh *et al.*, 1999) بین جمعیت‌های ۳ منطقه موردمحاسبه قرار گرفت. تجزیه‌وتحلیل خوشه‌ای که نشان‌دهنده قرابت افراد است، بر اساس روش UPGMA برای هر جمعیت در نرم‌افزار TFPGA (1version.1) انجام شد.

نتایج

نوکلئوتیدهای انتخابی و ترکیبات پرایمر استفاده‌شده در این تحقیق، بر اساس نتایج پژوهش Liu و همکاران (۲۰۰۹) و دیگر محققان بر ماهی صبور که پلی‌مورفیسم خوبی نشان داده بودند، انتخاب گردید و نتایج قابل قبولی را ارائه دادند. ۵ ترکیب آغازگر به‌کاررفته که توالی نوکلئونید انتخابی ٔ ۳ هر یک از آن‌ها در جدول ۲ آمده است، درمجموع ۲۶۳ باند قابل امتیازدهی تولید کردند که ۳۲ باند آن چند شکل بودند. بنابراین درصد باندهای پلی‌مورفیسم ۱۱/۹۹ درصد محاسبه شد. تعداد نوارهای تولیدشده توسط هر جفت آغازگرهای مورداستفاده، از ۴۷ تا ۶۱ و تعداد نوارهای پلی مورف از ۴ تا ۹ عدد متغیر بود (جدول ۲).

فراوانی آللی و هتروزیگوتی Allele Frequencies by Population (AFP)، فراوانی آلل‌ها در هر لوکوس جمعیت را نشان می‌دهد. تعداد باندهای پلی‌مورف ماهیان صبور بوشهر ۲۹ عدد، دیلم ۳۱ عدد و آبادان ۲۰ عدد بوده است. میانگین باندهای پلی‌مورفیسم ۸۰/۲۱ درصد بیان شد.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

میانگین هتروزیگوتی یا تنوع ژنتیکی برای ماهیان صبور بوشهر ۰/۰۲۹±۰/۳۲۵، دیلم ۰/۰۲۳± ۰/۳۳۲ و آبادان۰/۰۳۴ ±۰/۱۹۹ محاسبه شد. این بررسی‌ها نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی بیش‌تر در ماهیان صبور دیلم است، چنانچه درصد پلی‌مورفیسم در گروه ماهیان صبور دیلم ۹۳/۷۵ درصد بود. تعداد باندهای اختصاصی در ماهیان دیلم ۲ عدد و بوشهر و آبادان صفر بود، اما فراوانی آن‌ها بیش از ۰/۵ باند است. به‌عبارت‌دیگر هیچ باند اختصاصی برای این سه گروه وجود ندارد (جدول۳).

جدول ۲: تعداد باندهای کل و باندهای چند شکل امتیازدهی شده حاصل از ۵ ترکیب پرایمر در ماهی صبور (*Tenualosa ilisha*) (سال ۱۳۹۹).

	جفت پرایمر	تعداد کل باندها	تعداد باندهای پلی مورف	درصد باندهای پلی مورف
A	E-ATC/M-CTG	۴۷	۴	٪ ۸/۵۱
B	E-AAG/M-CCC	۶۱	۹	٪۱۴/۷۵
C	E-ACC/M-CAG	۵۱	۶	٪۱۱/۷۶
D	E-ACT/M-CAT	۵۰	۶	٪۱۲
E	E-AGC/M-CCT	۵۴	۷	٪۱۲/۹۶
-	**جمع کل**	۲۶۳	۳۲	-
-	**میانگین**	۵۲/۶	۴/۴	٪۱۱/۹۹

جدول ۳ : نتایج حاصل از آنالیز الگوی آللی ماهیان صبور (*Tenualosa ilisha*) بوشهر، دیلم و آبادان (سال ۱۳۹۹).

شاخص / مکان نمونه‌برداری	بوشهر	دیلم	آبادان	میانگین
تعداد باند	۲۹	۳۱	۲۰	–
تعداد باند پلی مورفیسم	۲۹	۳۱	۲۰	–
باندهای اختصاصی	۰	۲	۰	–
تنوع ژنتیکی (Nei's, 1978) He	۰/۳۲۵ ۰±/۰۲۹	۰/۳۳۲ ۰±/۰۲۳	۰/۱۹۹ ± ۰/۰۳۴	۰/۲۸۵۰±/۰۲۹
درصد باندهای پلی مورفیسم	٪۷۸/۵	٪۹۳/۷۵	٪۵۹/۳۸	٪ ۸۰/۲۱
تعداد آلل‌های مشاهده‌شدهNa	۱/۷۸۱	۱/۹۰۶	۱/۲۱۹	۱/۶۳۵
تعداد آلل‌های مؤثر Ne	۱/۵۷۵	۱/۵۳۰	۱/۳۳۰	۱/۴۷۸
شاخص شانون I	۰/۴۹۱	۰/۴۹۳	۰/۳۰۳	۰/۴۲۹

نتایج حاصل از ماتریکس فاصله ژنتیکی بر مبنای ضریب Nei، بیشترین فاصله ژنتیکی بین ماهیان دیلم و بوشهر۰/۱۴۸ و کمترین فاصله ژنتیکی بین ماهیان دیلم و آبادان ۰/۰۹۹ را نشان داد (جدول ۴).

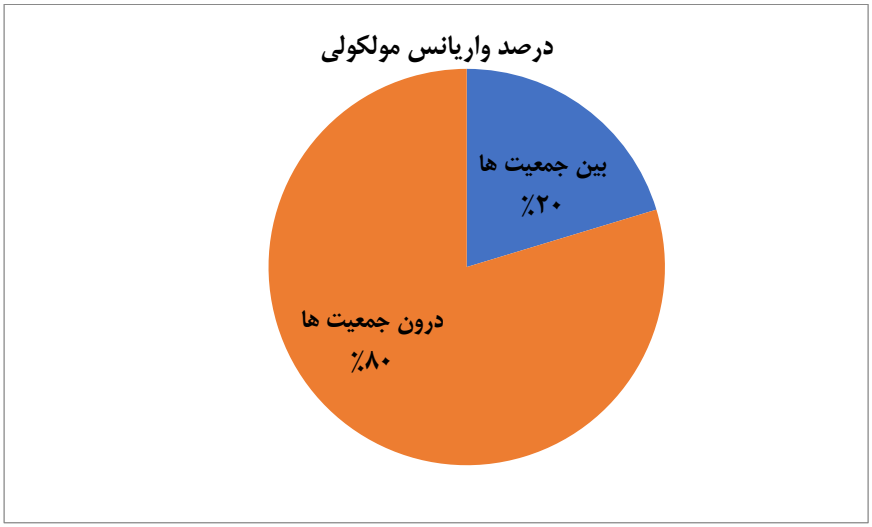
همچنین نتایج حاصل از ماتریکس شباهت ژنتیکی بر مبنای ضریب Nei، بیشترین شباهت ژنتیکی بین ماهیان دیلم و آبادان۰/۹۰۵ و کمترین شباهت ژنتیکی بین ماهیان دیلم و بوشهر۰/۸۶۳ را نشان داد (جدول ۴).

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

جدول ۴: شباهت ژنتیکی (بالا) و فاصله ژنتیکی (پایین) بر اساس ضریب Nei (1978).

منطقه	بوشهر	دیلم	آبادان
بوشهر	*****	۰/۸۶۳	۰/۸۷۷
دیلم	۰/۱۴۸	*****	۰/۹۰۵
آبادان	۰/۱۳۱	۰/۰۹۹	*****

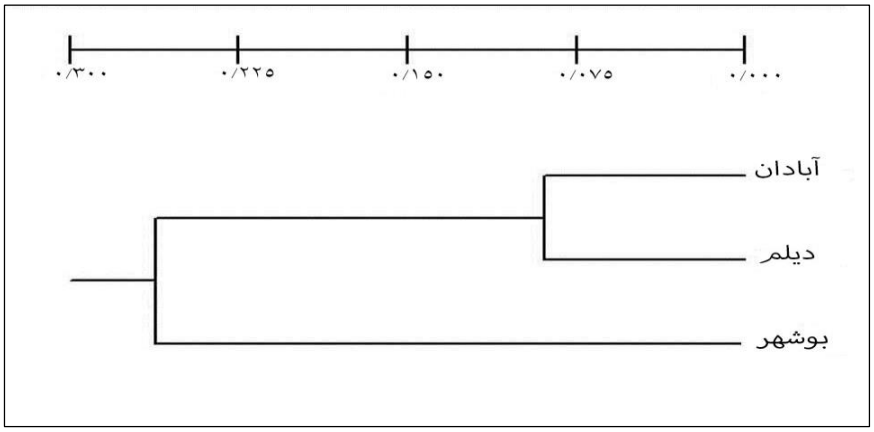
آنالیز واریانس مولکولی AMOVA در سطح ۹۹ درصد، بیانگر اختلاف بین جمعیتی ماهیان بوشهر، دیلم و آبادان به میزان ۲۰ درصد و اختلاف درون جمعیتی به میزان ۸۰ درصد می‌باشد (شکل ۲).



شکل ۲: آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) بین و درون جمعیتی نمونه‌های ماهی صبور (*Tenualosa ilisha*) (سال ۱۳۹۹).

تجزیه‌وتحلیل خوشه‌ای نشان‌دهنده‌ی قرابت افراد است، دندروگرام ترسیم‌شده بر اساس روش UPMGAدر نرم‌افزارTFPGAدو گروه را نشان داد. در اولین گروه ماهیان آبادان و دیلم (با بیشترین شباهت ژنتیکی) در یک کلاستر قرار گرفتند، دومین گروه ماهیان بوشهر بود (شکل ۳).

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]



شکل ۳: دندروگرام فاصله ژنتیکی نمونه‌های جمع‌آوری‌شده ماهی صبور (*Tenualosa ilisha*) از مناطق مختلف بر اساس UPGMA در نرم‌افزار TFPGA (Nei, 1978) (سال ۱۳۹۹).

بحث و نتیجه‌گیری

در این تحقیق به‌منظور بررسی تنوع و ساختار ژنتیک جمعیت و شناسایی و تفکیک جمعیت‌های ماهی صبور در خلیج‌فارس، از نشانگر مولکولیAFLP، با توجه به قابلیت‌ها و توانایی‌های آن مثل عدم نیاز به اطلاعات اولیه ژنوم جهت بررسی این موضوع استفاده شد.

در این تحقیق، ۲۶ قطعه ماهی صبور خلیج‌فارس مورد آزمایش قرار گرفتند که ۸ عدد ماهی از آب‌های آبادان، ۹ عدد از دیلم و ۹ عدد از بوشهر بوده است. ۵ ترکیب پرایمر EcoR I/MseI به کار گرفته شد که ۲۶۳ باند قابل امتیازدهی و ۳۲ باند پلی‌مورف تولید نمودند. درصد باندهای پلی مورفیسم ۱۱/۹۹ محاسبه شد.در پژوهشی که بر روی گونه *Mugil liza* با استفاده از ۱۵ ترکیب پرایمر انجام شد، ۵۲۹ باند ایجاد کرد که از این میان، ۱۶۵ باند پلی‌مورف ایجاد شد و باندهای پلی‌مورف ایجادشده توسط پرایمر در محدوده ۹ تا ۷۴ باند بود. داده‌هایی که توسط آنالیز آلوزایم‌ها و AFLP به دست آمد بیانگر این بود که تنوع ژنتیکی در محدوده ۰/۰۴۳–۰/۰۱۱ با میانگین ۰/۳۰۳ می‌باشد که سطوح پایینی از تنوع ژنتیکی را نسبت به دیگرگونه‌های کفال ماهیان نشان داد (Aguirre-Pabón *et al*., 2022). همچنین Lin و همکاران (۲۰۰۹) تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت ۹۱ نمونه از ۶ جمعیت ماهی شوریده زرد *Larimichthys polyactis* را در سه منطقه خلیج بوهایی، دریای زرد و شرق دریای چین با استفاده از ترکیب ۳ پرایمر AFLP بررسی نمودند. تعداد نمونه‌ها از هر جمعیت از ۱۱ تا ۲۱ عدد متغیر بود. درمجموع ۲۱۸ باند قابل امتیازدهی تولید شد که ۱۴۸ باند پلی‌مورف بودند. در مقایسه با مطالعات مذکور می‌توان عنوان کرد تعداد نمونه‌های مورداستفاده در این تحقیق و همچنین تعداد باندهای پلی‌مورف ایجادشده نسبت به ترکیبات پرایمر به کار گرفته‌شده در حد نرمال بوده است.

بر اساس آنالیز تنوع ژنتیکی ماهی صبور در مناطق مختلف نمونه‌برداری، بیشترین درصد باند پلی‌مورفیسم ماهی صبور در خلیج‌فارس به ترتیب در منطقه دیلم، بوشهر و سپس آبادان مشاهده شد. کاهش میزان پلی مورفیسم در جمعیت منطقه آبادان نسبت به سایر مناطق، دلایل مختلفی ازجمله آلودگی‌های ایجادشده توسط استقرار صنایع مختلف ازجمله پتروشیمی، وجود اسکله‌های متعدد و تردد شناورها و نیز ورود آب‌های سطحی و خصوصاً فاضلاب به دریا دارد. do Carmo Langiano و Martinez (۲۰۰۸) نیز نشان دادند که ماهی *Prochilodus lineatus* در رودخانه اوربان در جنوب برزیل دارای کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از آلودگی آن محیط می‌باشد. Hassanien و همکاران (۲۰۰۴) در بررسی تنوع ژنتیکی تیلاپیا *Oreochromis niloticus* در رودخانه نیل در مصر، بیشترین درصد باندهای پلی‌مورفیسم را در منطقه کیونا گزارش نمودند که ناشی

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

از تفاوت جغرافیایی زیاد این منطقه با سایر مناطق موردبررسی می‌باشد. در پژوهش حاضر، نمونه‌های دیلم دارای درصد بالای پلی- مورفیسم بودند ولی برخلاف نتایج Hassanien و همکاران (۲۰۰۴) به نظر نمی‌رسد این درصد بالای پلی‌مورفیسم تابع فاصله جغرافیایی زیاد با سایر مناطق باشد. در این منطقه آلودگی کمتر محیط دریا نسبت به دونقطه دیگر تغییرات محیطی فراوانی را ایجاد کرده که می‌توان احتمال داد این درصد بالای پلی مورفیسم تابع این تغییرات نیز باشد.

در خصوص دامنه هتروزیگوسیتی و تنوع ژنتیکی بر اساس ضریب Nei's (۱۹۷۸) بیشترین این مقدار در ماهیان صبور منطقه بوشهر (۰/۰۲۳ ± ۰/۳۳۲) و کمترین در ماهیان آبادان (۰/۰۳۴ ± ۰/۱۹۹) وجود داشت. میانگین دامنه هتروزیگوسیتی ماهی صبور در خلیج‌فارس (۰/۰±۲۸۵/۰۲۹) به دست آمد. همچنین در خصوص تنوع بر اساس شاخص شانون، کمترین این میزان در ماهیان آبادان (۰/۳۰۳) و بیشترین در ماهیان دیلم (۰/۴۹۳) محاسبه شد. میانگین تنوع ژنتیکی ماهی صبور بر اساس شاخص شانون ۰/۴۲۹ به دست آمد. در مقایسه با تحقیق حاضر، بررسی تنوع ژنتیکی ماهی سنگسر معمولی در خلیج‌فارس با استفاده از نشانگر AFLP بیانگر کمترین میزان تنوع ژنتیکی سنگسر معمولی در منطقه بندرعباس (۰/۲۳۹) و بیشترین در منطقه آبادان با مقدار (۰/۳۳۱) بود (سالاری‌علی‌آبادی و همکاران، ۱۳۹۰). همچنین در بررسی دیگری در گونه زمین کن دم نواری با نشانگر AFLP توسط Fekrandish و همکاران در سال 2015، جمعیت بحرکان و بندرعباس در مقایسه با ۴ جمعیت دیگر در خلیج‌فارس (خور موسی، شیف، مطاف، چارک) تنوع هتروزیگوسیتی و میزان پلی‌مورفیسم کمتری را نشان دادند.

کمتر بودن مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در نمونه‌های آبادان ممکن است به علل مختلف ازجمله عدم بهره‌برداری بهینه از منابع شیلاتی و احتمالاً پایین بودن میزان جریان ژنی (Nm) و تخریب زیستگاه‌های طبیعی ناشی از پساب فاضلاب شهری و صنایع بزرگ که در مجاورت دریا قرار دارند و پساب‌های سکوهای نفتی و پساب پالایشگاه‌ها باشد که باعث آلودگی زیستگاه‌های طبیعی است. از دلایل دیگر این مسئله که توسط محققان مختلف اشاره می‌شود صید بی‌رویه، استرس‌های زیست‌محیطی، تخریب زیستگاه‌های طبیعی و آمیزش‌های خویشاوندی درنتیجه کوچک شدن جمعیت است که باگذشت زمان موجب کاهش آلل و کاهش هتروزیگوسیتی در ذخایر می‌شود (Ghasemi and Pourjam, 2021).

فاکتور Fst توصیف‌کننده تمایز جمعیت‌ها در سطوح مختلف ساختار ژنتیکی می‌باشد و بیانگر آن است که هرچه میزان جریان ژنی بین مناطق بیشتر باشد اختلاف ژنتیکی کمتر است. به‌بیان‌دیگر، یکی از بهترین روش‌ها برای بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها تست تمایز ژنتیکی Fst بین نمونه‌هاست (Weir and Cockerham, 1984). در بررسی حاضر، کمترین مقدار Fst بین جمعیت دیلم و بوشهر (۰/۲۴۴) و بیشترین مقدار Fst بین جمعیت بوشهر و آبادان (۰/۳۹۷) محاسبه شد. آنالیز نتایج نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی تقریباً بالا بین جمعیت آبادان در شمال غرب خلیج‌فارس و جمعیت بوشهر است. این مسئله می‌تواند ناشی از مهاجرت کم جمعیت‌های این‌گونه بین مناطق مورد پراکنش باشد.

Mickett و همکاران در سال ۲۰۰۳، در گربه‌ماهی کانالی (*Ictalurus punctatus*) میزان Fst برابر با ۰/۴۴۵۶ را تمایز ژنتیکی زیاد بین جمعیت‌ها و میزان ۰/۱۷۶ را تمایز ژنتیکی متوسط بین جمعیت‌ها عنوان می‌کنند. همچنین Zhao و همکاران در سال ۲۰۱۱ در ماهی حلوا سفید تمایز ژنتیکی متوسطی برابر با ۰/۱۱ بین جمعیت‌های موردبررسی تعیین نمودند. Fekrandish و همکاران نیز در سال 2015 در ماهی زمین کن دم نواری در خلیج‌فارس مقدار Fst برابر با ۰/۳۲۷ و درنتیجه تمایز ژنتیکی زیاد بین جمعیت‌ها را مشخص نمودند. در این بررسی میانگین Fstبرابر با ۰/۱۹۲ و با اختلاف معنی‌دار در بین جمعیت‌ها (P<۰/۰۱۰) محاسبه شد که بیانگر ساختار جمعیتی قوی و تمایز بالای ژنتیکی است و نشان‌دهنده مهاجرت کم بین جمعیت‌ها می‌باشد. این مسئله با فرضیه بیولوژی این‌گونه که سرعت شنای کند دارد و دارای رفتار schooling است مطابقت دارد. در رفتار schooling تمایل به درون آمیزی در هر جمعیت بیشتر است (Carpenter *et al*., 1997). جمعیت‌هایی که به‌صورت گروهی زندگی می‌کنند و رفتار schooling دارند نتایج یک والد با یکدیگر طلاقی داشته و هموژنی جمعیتی به‌صورت درازمدت باعث تمایز بسیار با جمعیت‌های دیگر می‌شود. به‌طورکلی سطوح پایینی از تمایز ژنتیکی بین مناطق مختلف پراکنش در ماهیان دریایی به چند دلیل وجود دارد: اول این‌که عدم وجود مانع قابل‌توجه و سیالیت محیط‌های دریایی که باعث کاهش هتروژنتیکی در بین جمعیت‌ها می‌شود. دوم این‌که

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

مهاجرت ماهیان بالغ یا نوجوان بین مناطق مختلف دریا و رودخانه (مخصوصاً ماهی صبور که رود کوچ می‌باشد) که باعث از بین رفتن تفاوت ژنتیکی میان جمعیت‌ها می‌شود و سوم این‌که گونه‌های دریایی دارای زادآوری بالا و پراکنش وسیع و غالباً با تخم و لارو پلاژیک هستند که با جریانات دریایی و اقیانوسی پراکنش می‌یابند (Hiransuchalert *et al*., 2020).

نتایج آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) در سطح ۹۹ درصد، اختلاف بین ۳ جمعیت را ۲۰ درصد و اختلاف درون جمعیتی را ۸۰ درصد نشان داد. اختلاف درون جمعیتی می‌تواند به دلیل تفاوت ژنتیکی بین افراد باشد، اما قسمت زیادی از تفاوت مشاهده‌شده بین جمعیت‌ها در مناطق مختلف احتمالاً به علت تفاوت‌های محیطی ازجمله ساختارهای اقیانوس‌شناسی متفاوت، فاصله‌های جغرافیایی و چرخه بیولوژی گونه‌ها است و اغلب تصور می‌شود که قسمت کمی از این تفاوت‌ها به‌طور ژنتیکی تعیین می‌شود (Nazia *et al*., 2021). در الگوی کلی ساختار ژنتیک جمعیت، اختلاف ژنتیکی درون جمعیتی در ماهیان دریایی بیشتر از اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌هاست که همان‌گونه که بیان گردید می‌تواند ناشی از موانع اقیانوسی یا زمینی باشد که باعث جلوگیری از پراکندگی می‌شود. با تشدید توسعه شهرنشینی و نواحی صنعتی، بعضی از زیستگاه‌های تخم‌ریزی، مکان‌های نوزادگاهی و تغذیه‌ای از بین رفته‌اند که بنابراین ممکن است جمعیت‌های متفاوتی را در بعضی از زیستگاه‌های جداشده درون یک ناحیه بافاصله جغرافیایی کوتاه به وجود آورد (Hiransuchalert *et al*., 2020). خلیج‌فارس به دلیل نیمه بسته بودن و ورود مقادیر زیادی آلاینده‌های صنعتی و شهری به درون این اکوسیستم به نظر می‌رسد می‌تواند چنین تأثیری را القا کند و تفاوت درون جمعیتی بیشتری نسبت به تفاوت بین جمعیتی در گونه‌های آبزیان به وجود آورد.

از سوی دیگر طبق دندوگرام فاصله ژنتیکی رسم شده برای ماهی صبور (شکل ۳)، نمونه‌های این ماهی به دو کلاستر تقسیم شد که کلاستر اول شامل نمونه‌های آبادان و دیلم و کلاستر دوم شامل ماهیان بوشهر بود که به ترتیب فاصله ژنتیکی قرار می‌گیرند. این دندوگرام نشان می‌دهند که اولاً نمونه‌های ماهی صبور از آبادان و دیلم کمترین فاصله ژنتیکی را باهم دارند و بیشترین فاصله ژنتیکی را گروه بوشهر دارد.

با توجه به یافته‌های این پژوهش و تجزیه‌وتحلیل‌های انجام‌شده می‌توان عنوان نمود اگرچه نشانگر AFLP تنوع ژنتیکی مناسبی در درون هر یک از جمعیت‌های گونه صبور تشخیص داد، اما اختلاف مولکولی چندانی بین جمعیت‌های موجود در مناطق نمونه‌برداری شده وجود ندارد. بر اساس آنالیز نتایج، تنوع ژنتیکی ماهیان آبادان نسبت به ماهیان دیلم و بوشهر کمتر بود و این تفاوت را می‌توان احتمالاً به میزان صید زیاد این‌گونه و شرایط نامساعدتر محیطی ازجمله آلودگی بالای این منطقه و تخریب زیستگاه‌های طبیعی ماهیان صبور نسبت به دو منطقه دیگر نسبت داد. در الگوی کلی ساختار ژنتیک جمعیت، اختلاف ژنتیکی درون جمعیتی در ماهیان دریایی بیشتر از اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌هاست که همان‌گونه که بیان گردید می‌تواند ناشی از موانع اقیانوسی یا زمینی باشد که باعث جلوگیری از پراکندگی می‌شود. با تشدید توسعه شهرنشینی و نواحی صنعتی، بعضی از زیستگاه‌های تخم‌ریزی، مکان‌های نوزادگاهی و تغذیه‌ای از بین رفته‌اند که بنابراین ممکن است جمعیت‌های متفاوتی را در بعضی از زیستگاه‌های جداشده درون یک ناحیه بافاصله جغرافیایی کوتاه به وجود آورد (Zeng *et al*., 2020). خلیج‌فارس به دلیل نیمه بسته بودن و ورود مقادیر زیادی آلاینده‌های صنعتی و شهری به درون این اکوسیستم به نظر می‌رسد می‌تواند چنین تأثیری را القا کند و تفاوت درون جمعیتی بیشتری نسبت به تفاوت بین جمعیتی در گونه‌های آبزیان به وجود آورد. آنچه از مطالعه حاضر می‌توان برآورد نمود این است که احتمالاً جمعیت‌های مجزایی از ماهی صبور در خلیج‌فارس وجود دارد. ازآنجاکه نتایج این بررسی اثبات مولکولی از وجود زیر جمعیت‌های ماهی صبور در خلیج‌فارس است، بنابراین می‌توان نتایج حاضر را برای حفاظت از ذخیره ژنتیکی این‌گونه باارزش و مدیریت و کنترل میزان صید در خلیج‌فارس مفید دانست. بنابراین بایستی با نظارت بر برنامه‌های مدیریتی در خصوص میزان صید و افزایش تحقیقات ژنتیکی و بیولوژیکی ماهی صبور در خلیج‌فارس، به حفاظت بیشتر ازاین‌گونه ارزشمند پرداخت.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

سپاسگزاری

از تمامی کارکنان آزمایشگاه ژنتیک پژوهشکده دانشگاه خلیج‌فارس بوشهر که در انجام این تحقیق ما را یاری رساندند، تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع

حیات، ف.، فکراندیش، ح. و مهاجری، ژ.، ۱۳۹۳. مطالعه تنوع ژنتیکی ماهی کوتر دهان زرد (*Sphyraena obtusata*, Cuvier, 1829) در خلیج‌فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای AFLP. پایان‌نامه کارشناسی ارشد شیلات، دانشگاه آزاد اسلامی واحد بوشهر، ۸۰ ص.

سالاری‌علی‌آبادی، م. ع.، راستگو، ع. ر.، محمدی، م.، ارچنگی، ب. و قاسمی، س. ا.، ۱۳۹۰. ساختار جمعیتی ماهی سنگسر معمولی (*Pomadasyskaakan* Cuvier, 1830) با استفاده از نشانگرهای مولکولیAFLP در خلیج‌فارس. مجله علوم و فنون شیلات، ۱ (۱): صفحات ۳۷-۲۷.

شریفی، م.، سوری نژاد، ا.، قاسمی، ا. و حسینی، س. ج.، ۱۳۹۲. بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت ماهی حلوا سیاه (*Parastromareus niger*) با استفاده از مارکر AFLP. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه هرمزگان. ۹۵ ص.

فقیه احمدانی، ا.، حسینی، س. ج. و محمدی، غ.، ۱۳۹۰. مطالعه کروموزومی ماهی مید *Liza klunzingeri* و بررسی تنوع ژنتیکی آن در خور زیارت (استان بوشهر) و رودخانه زهره (استان خوزستان) با استفاده از نشانگر AFLP. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی- واحد اهواز. ۱۱۰ ص.

Aguirre-Pabón, J., Berdugo, G. O. and Narváez, J. C., 2022. Population structure and low genetic diversity in the threatened lebranche *Mugil liza* in the Colombian Caribbean. *Fisheries Research*, 256, 106485.

Al-Yamani, F. Y., Bishop, J. M., Al-Rifaie, K. and Ismail, W., 2007. The effects of the river diversion, Mesopotamian marsh drainage and restoration, and river damming on the marine environment of the northwestern Arabian Gulf. Aquatic Ecosystem health & management, 10(3): 277-289.

Carpenter, K., Krupp, F., Jones, D. and Zajonz, U., 1997. The living marine resources of Kuwait, eastern Saudi Arabia, Bahrain, Qatar,and the United Arab Emirates. FAO Species identification field Guide for fishery purposes. P: 29.

do Carmo Langiano, V. and Martinez, C. B., 2008. Toxicity and effects of a glyphosate-based herbicide on the Neotropical fish Prochilodus lineatus. Comparative biochemistry and physiology part C: toxicology & pharmacology, 147(2): 222-231.

Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S., 2005. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary Bioinformatics, 1: 117693430500100003.

Fekrandish, H., Hosseini, S.J., Kamali, A. and 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:* 924-936.

Ghasemi, S. A. and 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. doi: 10.22108/tbj.2021.128640.1160.

Hashemi, S. A. R. and Valinassab, T., 2011. Stock assessment of demersal resources in the West northern of Persian Gulf waters. World Journal Fish and Marine Science., 3(6): 480-485.

Hassanien, H. A., Einady, M., Obeida, A. and Itriby, H., 2004. Genetic diversity of Nile tilapia populations revealed by randomly (RAPD). American Naturalist, 107: 285-297.

Hillis, D. M. and Moritz, C., 1990. Molecular taxonomy. Sinauer Associates Inc Publishers. Sunderland, Massachusetts. U.S.A. 120 p.

Hiransuchalert, R., Tongiang, B., Sae-Chua, C., Cherdsakulkij, C., Prasertlux, S., Khamnamtong, B. and Klinbunga, S., 2020. The development of species-specific AFLP-derived SCAR and SSCP markers to identify mantis shrimp species. *Molecular Biology Reports, 47:* 6807 - 6816.

IUCN., 2022. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2014.1. Available at: www.iucnredlist.org.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

Lin, L. S., Ying, Y. P., Han, Z. Q., Xiao, Y. S. and Gao, T. X., 2009. AFLP analysis on genetic diversity and population structure of small yellow croaker *Larimichthys polyactis*. African Journal of Biotechnology, 8: 2700-2706.

Liu, J. Y., Lun, Z. R., Zhang, J. B. and Yang, T. B., 2009. Population genetic structure of striped mullet, *Mugil cephalus*, along the coast of China, inferred by AFLP fingerprinting. Biochemical Systematics and Ecology, 37: 266-274.

Mickett, K., Morton, C., Feng, J., Li, P., Simmons, M., Cao, D., Dunham, R. A. and Liu, Z., 2003. Assessing genetic diversity of domestic populations of channel catfish (*Ictalurus punctatis*) in Alabama using AFLP markers. Aquaculture, 228: 91-105.

Moritz, C., 1994. Defining 'evolutionary significant units' for conservation. Trends in Ecology and Evolution, 9: 373-375.

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

Nazia, A. K., Tâm, B. M., Jamaluddin, J. A. and Nor, S. A., 2021. High genetic structure between natural populations of bighead catfish *Clarias macrocephalus* (Günther, 1864) from the Mekong Delta and Peninsular Malaysia. Fisheries Research, 241: 105993.

Nurulamin, S. M., Rahman, M. A., Hadler, G. C., Mazid, M. A., Milton, D. A. and Blaber S. J. M., 2004. Stock assessment and Management of *Tenualosa ilisha* in Bangladesh. Asia Fisheries Science, 17: 50-59.

Peakall, R. and Smouse, P. E., 2006. GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology, 6: 288-295.

Qian, X., Fei, C., Shin, P. K. S., Cheung, S. G., Yan, C. and Caihuan, K., 2011. AFLP analysis of genetic variation among three natural population of horseshoe crab *Tachypleus tridentatus* along Chinese coast. Chinese journal of Oceanology and limnology, 29: 284-289.

Sultana, S., Hasan, M. M., Hossain, M. S., Alim, M. A., Das, K. C., Moniruzzaman, M. and Alam, J., 2022. Assessment of genetic diversity and population structure of *Tenualosa ilisha* in Bangladesh based on partial sequence of mitochondrial DNA cytochrome b gene. Ecological Genetics and Genomics, 25: 100139.

Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot J., Peleman, J., Kuiper, M. and Zabeau, M., 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research, 23: 4407-4414.

Weir, B. S. and Cockerham, C. C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution, 38: 1358- 1370.

Yeh, F. C., Yang, R. C. and Boyle, T., 1999. POPGENE Version 1.32: Microsoft Windows Based Freeware for Population Genetic Analysis, Quick User Guide. Center for International Forestry Research, University of Alberta, Canada.

Zhao, F., Dong, Y., Zhuang, P., Zhang, T., Zhang, L., & Shi, Z. 2011. Genetic diversity of silver pomfret (Pampus argenteus) in the Southern Yellow and East China Seas. Biochemical Systematics and Ecology, 39(2): 145-150.

Zeng, Z., Liang, D., Li, J., Lyu, Z., Wang, Y. and Zhang, P., 2020. Phylogenetic relationships of the Chinese torrent frogs (Ranidae: Amolops) revealed by phylogenomic analyses of AFLP-Capture data. Molecular phylogenetics and evolution, p.106753.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-28]