



Available Online: <http://jmst.kmsu.ac.ir>

Original Article



Molecular Assessment of Banana Shrimp (*Fenneropenaeus merguensis*) Populations in Persian Gulf Fishing Areas Using Microsatellite Markers

Ali Ghavampour¹, Mohammad Ali Salari Aliabadi^{2*}, Hossein Zolgharneen², Bita Archangi²

1. Bushehr fisheries general directorate, Bushehr, Iran.

2. Department of marine biology, Faculty of Marine Science and Oceanography, Khorramshahr University of Marine Science and Technology, Khorramshahr, Iran.

* Corresponding Author Email: salari1346@yahoo.com

Received: 5 October 2019

Revise Date: 18 January 2020

Accepted: 20 January 2020

DOI: 10.22113/jmst.2020.204079.2317

ABSTRACT

Identifying the genetic structure of the country's marine stocks is an effective method for efficient fisheries management. One of the valuable shrimp species in the Persian Gulf is the banana shrimp (*Fenneropenaeus merguensis*), which accounts for approximately 60% of the total annual shrimp catch in Hormozgan province. This study examined the genetic diversity of this species in four fishing grounds: Grok, Kolahi, Bandar Abbas power plant, and Tula. It also evaluated the population of 1-gram shrimp released in the Khoriat area, using microsatellite markers and 10 primers. Results from the genetic distance matrix (Fst) indicated the highest and lowest genetic distances between the Grok-Tula and Bandar Abbas-Kolahi fishing grounds, with values of 0.065 and 0.01, respectively ($p \leq 0.05$).

Additionally, the analysis of gene flow among the studied populations and fishing grounds showed the lowest and highest values between the Kolahi-Power Plant and Grok-Tula populations, at 7.815 and 3.37, respectively. The expected and observed heterozygosity values fell within a non-significant range, with means of 0.679 ± 0.008 and 0.482 ± 0.02 , respectively. The highest and lowest allele frequencies in the studied populations were recorded in the Grok fishing ground (4.8 ± 0.2) and the Tula fishing ground (3.8 ± 0.133). The lowest and highest numbers of specific alleles were found in the Tula population and the released shrimp population, with counts of zero (0) and 3 ± 0.213 alleles for the Bandar Abbas power plant population, respectively. The genetic assignment test revealed the highest divergence between the released shrimp population and Tula fishing ground (13.063 ± 2.897), and the lowest divergence between Kolahi and the power plant (8.255 ± 2.119). Based on these results, it can be concluded that the reconstruction of *F. merguensis* shrimp stocks does not negatively affect genetic diversity in these fishing grounds. Furthermore, the distance from mangrove habitats and the impact of regional hydrodynamic currents on the dispersal of pelagic larvae in the eastern and western regions of Hormozgan province play a decisive role in genetic distance and gene flow among shrimp populations. Therefore, it is essential to consider these factors when implementing stock enhancement projects for this species.

Keywords: shrimp, banana shrimp (*Fenneropenaeus merguensis*), Persian Gulf, microsatellite markers, genetic assessment

Copyrights:

Copyright for this article is retained by the author(s), with publication rights granted Journal of Marine Science and Technology. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



1. INTRODUCTION

Banana shrimp, with the scientific name *Fenneropenaeus merguensis*, belongs to the Penaeidae family and is the most abundant shrimp species in Hormozgan province. Its distribution aligns closely with that of mangrove habitats. The main purpose of genetic resource identification (GSI) in aquatic animals is to investigate distribution patterns and genetic diversity within and between populations. The most appropriate tools for this purpose are genetic markers. The development of molecular markers, especially microsatellites, has significantly advanced statistical algorithms and enhanced the capacity to analyze and evaluate the genetic roots of diversity across different populations. Examining the genome of banana shrimp released in the Khoriat region of Hormozgan province can facilitate the identification and evaluation of population dynamics, aiding future fisheries and marine ecosystem management in the area.

2. MATERIALS AND METHODS

A total of 30 juvenile *Fenneropenaeus merguensis* shrimp, with an average weight of 1 gram, were prepared for release in Khortiab after a nursery period in the earthen pools of the Shahid Kalahi Center (Minab, Hormozgan). One year post-release, sampling was conducted from four major fishing grounds in Hormozgan province, ranging from the eastern to the western waters. After the cruise, all samples were transferred to the refrigerator at the Bushehr Shrimp Research Institute. The genetic material was extracted using the CTAB method and employed for PCR, utilizing 10 primers to evaluate genetic diversity. Population comparisons were conducted with GenAlex software, and an evolutionary tree was constructed using the UPGMA method in TFPGA version 1.3 software. Gene flow, allelic frequency, and genetic diversity were also assessed.

3. RESULTS

The genetic distance matrix (Fst) revealed the highest and lowest genetic distances between Grok-Tola and Bandar Abbas-Kolahi fishing grounds, respectively, at rates of 0.065 and 0.01 ($p \leq 0.05$). Additionally, gene flow among the populations and fishing grounds showed the lowest and highest values between the Kolahi-Nirgah and Grok-Tola populations, respectively, at rates of 7.815 and 3.37. The expected and observed heterozygosity values were within a non-significant range. The highest and lowest allele frequencies in the investigated populations were observed in the Grok fishery (4.8 ± 0.2) and the lowest in the Tula fishery and the released shrimp population (0), with the fishing population of the Bandar Abbas power plant recording 3 alleles ± 0.213 . The genetic assignment test indicated the highest divergence between the released shrimp population and the Tula fishery (13.063 ± 2.897) and the lowest between Kolahi and Nirogah fishery (8.255 ± 2.119).

4. DISCUSSION AND CONCLUSION

Based on these findings, it can be concluded that the reconstruction of *Fenneropenaeus merguensis* shrimp stock has no negative effect on genetic diversity within the populations of these fishing grounds. Moreover, the distance from mangrove habitats and the influence of regional hydrodynamic currents play a crucial role in the genetic distance and gene flow between shrimp populations in Hormozgan province.



مقاله پژوهشی

Available Online: <http://jmst.kmsu.ac.ir>



بررسی مولکولی جمعیت میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguensis*) با استفاده از

نشانه‌های ریزماهواره در صیدگاه‌های هرمزگان

علی قوام پور^۱، محمدعلی سالاری علی آبادی^{۲*}، حسین ذوالقرنین^۲، بیتا ارجنگی^۲

۱. اداره کل شیلات استان بوشهر، بوشهر، ایران.

۲. گروه زیست شناسی دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، خرمشهر، ایران.

* نویسنده مسئول، پست الکترونیک: salari1346@yahoo.com

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۱۰/۳۰

تاریخ بازنگری: ۱۳۹۸/۱۰/۲۸

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۰۷/۱۳

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22113/jmst.2020.204079.2317

چکیده

شناسایی ساختار ژنتیکی ذخایر دریایی کشور، شیوه‌ای مؤثر در مدیریت کارآمد شیلاتی محسوب می‌گردد. یکی از گونه‌های با ارزش میگو در خلیج فارس، میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguensis*) است که حدود ۶۰ درصد از کل صید سالانه میگو در استان هرمزگان را شامل می‌شود. در این مطالعه، میزان تنوع ژنتیکی در جمعیت این گونه در چهار صیدگاه گروک، کلاهی، نیروگاه بندرعباس و طولا و همچنین جمعیت میگوهای یک گرمی رهاسازی شده در خوربات کلاهی با استفاده از نشانه‌گر ریزماهواره و ۱۰ پرایمر مورد بررسی قرار گرفت. نتایج حاصل از ماتریس فاصله ژنتیکی (Fst) نشان‌دهنده بیشترین و کمترین فاصله ژنتیکی به ترتیب بین صیدگاه‌های گروک-طولا و نیروگاه بندرعباس-کلاهی به میزان ۰/۰۶۵ و ۰/۰۱ (p ≤ ۰/۰۵) بود. همچنین، تحلیل شارش ژنی در بین جمعیت‌ها و صیدگاه‌های مورد بررسی نشان داد که کمترین و بیشترین مقدار به ترتیب در جمعیت صیدگاه‌های کلاهی-نیروگاه و گروک-طولا به میزان ۷/۸۱۵ و ۳/۳۷ مشاهده شد. مقادیر هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده در دامنه غیرمعداد و به ترتیب با میانگین ۰/۰۸ ± ۰/۰۶۷۹ و ۰/۰۲ ± ۰/۰۴۸۲ قرار داشت. بیشترین و کمترین میزان فراوانی آللی در جمعیت‌های مورد بررسی، به ترتیب مربوط به صیدگاه گروک با ۰/۲ ± ۰/۴/۸ و ۰/۱۳۳ ± ۳/۸ بود. کمترین و بیشترین تعداد آلل‌های اختصاصی مربوط به جمعیت صیدگاه طولا و جمعیت میگوهای رهاسازی شده به میزان صفر (۰) و جمعیت صیدگاه نیروگاه بندرعباس به تعداد ۳ ± ۰/۲۱۳ آلل ثبت شد. آزمون سنجش ژنتیکی (Assignment test) نشان‌دهنده بیشترین و کمترین واگرایی به ترتیب بین جمعیت میگوهای رهاسازی شده و صیدگاه طولا به میزان ۲/۸۹۷ ± ۱۳/۰۶۳ و صیدگاه کلاهی و نیروگاه به میزان ۲/۱۱۹ ± ۸/۲۵۵ بود. بر این اساس، می‌توان نتیجه گرفت که بازسازی ذخایر میگوی گونه *F. merguensis* نقش منفی بر تنوع ژنتیکی در جمعیت این صیدگاه‌ها نداشته و فاصله از رویشگاه‌های حراً و تأثیر جریان‌های هیدرودینامیک منطقه‌ای بر انتشار لاروهای پلاژیک در مناطق شرقی و غربی استان هرمزگان، نقش تعیین‌کننده‌ای بر فاصله ژنتیکی و جریان ژنی بین جمعیت میگوها در این استان دارد. لذا لازم است پروژه‌های بازسازی ذخایر این گونه با توجه به این عوامل اجرا گردد.

واژگان کلیدی: میگو موزی، خلیج فارس، نشانه‌های ریزماهواره، ارزیابی ژنتیکی

Copyrights:

Copyright for this article is retained by the author(s), with publication rights granted Journal of Marine Science and Technology. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



۱. مقدمه

بر اساس گزارش FAO (2018)، تولید جهانی میگو از محل صید از ذخایر دریایی در سال ۲۰۱۶ میلادی بالغ بر ۳ میلیون و ۴۹۰ تن به ارزش ۱۳/۹ میلیارد دلار بوده است که حدود ۵۶ درصد از این میزان، سهم میگوهای خانواده پنائیده بوده است. از میان ۱۷ خانواده شناخته شده میگوهای جهان، میگوهای خانواده پنائیده با ۱۱ جنس و ۱۱۰ گونه، از دیرباز توسط جوامع بشری به عنوان منبعی با ارزش تغذیه‌ای شناخته شده و به مصرف رسیده‌اند (Holthuis, 1980).

میگوی موزی با نام علمی *Fenneropenaeus merguensis* (De Man, 1888) از خانواده پنائیده و نام انگلیسی آن Banana shrimp است. پراکنش این میگو از آسیای شرقی، فیلیپین تا سریلانکا و سواحل هند و پاکستان تا خلیج فارس گزارش شده است (Vance et al., 1985). در ایران، این میگو به نام میگوی موزی یا میگوی صورتی شناخته می‌شود.

میگوی موزی در استان هرمزگان بیشترین فراوانی را در بین گونه‌های دیگر میگو دارد. گسترش میگوی موزی در این استان منطبق بر پراکنش خوریات دارای پوشش گیاهی حراً می‌باشد. این خورها شامل خوریات مناطق شرق و غرب سیریک، خور گروک، خوریات کلاهی و تیاب، خور کولغان و خور خمیر هستند. صیدگاه‌های عمده میگوی موزی در استان هرمزگان در شکل (۱) نمایش داده شده است.

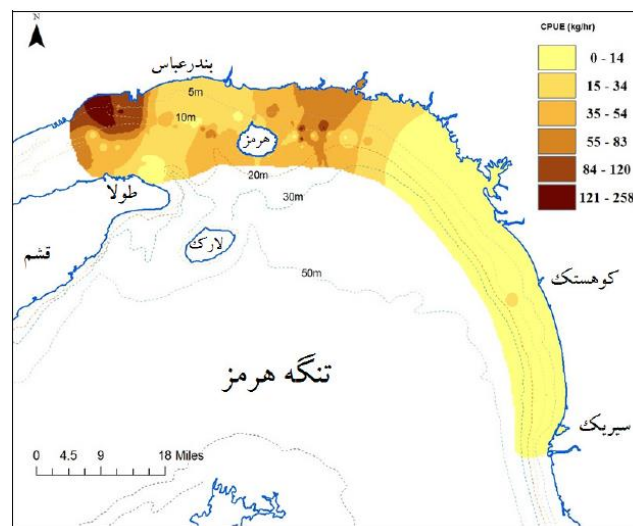
توزیع و تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌ها است. برای این منظور، مناسب‌ترین ابزار، استفاده از نشانگرهای ژنتیکی می‌باشد

(Gopalakrishnan et al., 2017). توسعه نشانگرهای مولکولی به نوبه خود موجب پیشرفت و ارتقاء الگوریتم‌های آماری و تحول در توان تحلیل و ارزیابی ریشه‌های ژنتیکی ایجاد تنوع در جمعیت‌های مختلف شده است (McMillen-Jackson and Bert, 2004).

علاوه بر این، به دلیل دشواری استفاده از نشانگرهای فیزیکی، ابزارهای مولکولی در نشان‌گذاری موجودات جایگاه مطلوب‌تری یافته‌اند و طی سال‌های اخیر، استقبال از این روش رشدی روزافزون داشته است. هدف کلی در فناوری‌های مبتنی بر DNA، بکارگیری روشی است که با استناد به نتایج آن، تفاوت بین افراد متعلق به یک گونه و یا رده‌های جانوری مشابه را در سطح ژنوم بررسی کند.

ریزماهوره‌ها متشکل از نسخه‌های متعدد از ردیف‌های ساده تکراری (SSR's) و پشت سر هم با اندازه ۱ تا ۶ جفت باز هستند (Litt and Luty, 1989; Tautz, 1989). بر اساس مطالعات صورت گرفته، به ازای هر ۱۰ هزار جفت باز در ماهی‌ها، یک موتیف ریزماهوره در ژنوم وجود دارد (O'Connell et al., 1997). در مطالعات جانوری و گیاهی، استفاده از نشانگرهای ریزماهوره، ردیابی برخی تفاوت‌ها که به وسیله سایر نشانگرها قابل تشخیص نبوده است، امکان‌پذیر گردیده است (Taylor et al., 1994).

مزیت استفاده از این نشانگرها شامل کوچک بودن جایگاه ژنی، وراثت مندلی و امکان نشان دادن تنوع در مقیاس بالا می‌باشد (Liu et al., 2001).



شکل ۱ - صیدگاه‌های عمده میگوی گونه *Fenneropenaeus merguensis* در استان هرمزگان بر حسب صید به ازای واحد تلاش (Catch Per Unit Effort = CPUE) (Momeni et al., 2015)

Fig. 1- Major fishing grounds of the shrimp species *Fenneropenaeus merguensis* in Hormozgan Province based on Catch Per Unit Effort (CPUE) (Momeni et al., 2015)

۲. مواد و روش ها

در مرداد ماه ۱۳۹۵، تعداد ۳۰ قطعه بچه میگوی گونه *Fenneropenaeus merguensis* با متوسط وزن ۱ گرم، پس از طی دوره نوزادگاهی در استخرهای خاکی مرکز شهید کلاهی (میناب، هرمزگان) به عنوان نمونه تحویل گرفته شد تا مورد ارزیابی مولکولی و تحلیل های جمعیتی قرار گیرد. یک سال بعد از رهاسازی، در مهرماه ۱۳۹۶ و پیش از اعلام آزادی صید میگو در استان هرمزگان، نمونه برداری از چهار صیدگاه عمده استان (از آب های شرق استان تا مناطق غربی) انجام شد. جمع آوری نمونه ها در محدوده ای به مساحت تقریبی ۶۸۸ کیلومتر مربع به روش ترال کف آغاز شد. این نمونه برداری از گروک با موقعیت ۲۶ درجه و ۳۲ دقیقه

عرض شمالی و ۵۷ درجه و ۰۳ دقیقه طول شرقی آغاز و تا منطقه طولاً با موقعیت جغرافیایی ۲۷ درجه عرض شمالی و ۵۶ درجه و ۱۲ دقیقه طول شرقی در مسیری به طول ۱۵۴/۰۴ کیلومتر ادامه یافت. در این محدوده، در چهار ایستگاه مختلف شامل گروک (۲۶ درجه و ۵ دقیقه عرض شمالی و ۵۶ درجه و ۸ دقیقه طول شرقی)، بندر کلاهی (۲۷ درجه و ۲ دقیقه عرض شمالی و ۵۶ درجه و ۴۸ دقیقه طول شرقی)، مقابل نیروگاه برق بندرعباس (۲۷ درجه و ۷ دقیقه عرض شمالی و ۵۶ درجه و ۸ دقیقه طول شرقی) و صیدگاه طولاً (با موقعیت جغرافیایی ۲۷ درجه عرض شمالی و ۵۶ درجه و ۱۲ دقیقه طول شرقی) تورریزی صورت گرفت. نقشه محدوده مطالعه و ایستگاه های تورکشی در شکل ۲ آورده شده است.



شکل ۲- مسیر حرکت شناور ترالر و مناطق تورکشی در مرحله نمونه گیری

Fig. 2- Path of the trawler and the fishing areas during the sampling phase

میکرولیتر آنزیم پروتیناز K افزوده شد. سپس پس از گذشت یک شبانه روز، به هر کدام از نمونه ها ۲۴۰ میکرولیتر محلول NaCl همراه با ۲ میکرولیتر بتا-مرکتواناتول و ۲۵۰ میکرولیتر کلروفرم افزوده گردید. پس از ته نشینی DNA نمونه ها و شستشوی آنها با اتانول، ۱۰۰ میکرولیتر آب مقطر (تزیقی دوبار تقطیر) به هر کدام از نمونه ها اضافه و در دمای ۴ درجه سانتی گراد نگهداری شد (Valles-Jimenez et al., 2004).

جهت ارزیابی کیفی DNA استخراج شده، ۳ میکرولیتر از محصول استخراج شده با ۲ میکرولیتر LB (بافر سنگین کننده) و ۶ میکرولیتر آب مقطر در مخزن دستگاه الکتروفورز قرار داده شد و در معرض میدان الکتریکی قرار گرفت. سپس نمونه های مناسب برای

نمونه ها پس از خاتمه هر بار تورکشی، در ظروف پلاستیکی حاوی اتانول ۹۶ درصد قرار داده می شدند و پس از برچسب گذاری، مختصات محدوده صید و تعداد نمونه ها یادداشت و درون جعبه یونولیت حاوی پودر یخ قرار می گرفتند. پس از خاتمه سفر دریایی، کلیه نمونه ها به یخچال پژوهشگاه میگو در بوشهر منتقل شدند.

به منظور استخراج ماده ژنتیکی (DNA)، از روش CTAB (Cetyl-Trimethyl-Ammonium-Bromide) استفاده شد. روش کار بدین صورت بود که پس از جداسازی ۵۰ میلی گرم از بافت عضله میگو و قرار دادن آن در میکروتیوب های ۱/۵ میلی لیتری، برای هضم بافت، ۶۳۰ میکرولیتر محلول CTAB، ۷۰ میکرولیتر محلول ۱۰٪ SDS (Sodium Dodecyl Sulfate) و ۷

BLAST به منظور هویت‌یابی، مورد استفاده قرار گرفتند (Holleley and Geerts, 2009).

انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) انتخاب شدند. پرایمرهای مورد استفاده در شناساگرهای ریزماهواره (Microsatellite) ژنوم نمونه‌ها با مشخصات جدول ۱ از شرکت سینا کلون تهیه و پس از

جدول ۱- توالی پرایمرهای ریزماهواره مورد استفاده در مطالعه حاضر

Table 1- Sequence of microsatellite primers used in the present study

Row	Primer Number	Nucleotide Sequence
1	FM4	F-CGGTAGACCCATTTTACCGA R-ATCTAGAAAACCGTTGCCGA
2	FM5	F-TACACACGCACACACGCTAA R-GCGATAATGAGGCTGGTCAT
3	FM7	F-TTCGACAGATAGACAGAGCCAA R-CTCTCTCTCGCGCTTTTTTGT
4	FM9	F-CAGAATGGGAAAAGAGAAAAGC R-ATGACTCAGGAGGAAGTGCG
5	FM11	F-GGTTTCGCTTTTCAGGGCTAT R-ATAGCATTATCGGGATGCCGA
6	FM16	F-AAGCTCGGATCGACGTTTTT R-TGTCTATCCCCTTGTCGTCC
7	FM17	F-ATTCGCTCGGTATTGCATTC R-CCTTCCGTGTAGCTCCTGAC
8	FM18	F-TTCATCTTCCCCTTTGTTGC R-CCCTCCTTCCCTCATTATT
9	FM20	F-CGAAGGAAAAGGCTGAAAAA R-ATTGATCAAGTATGCGCACG
10	FM23	F-CGGCAGAGAGTACATCAGGT R-AAAAACATTTTCCCGCCAAT

سیکل حرارتی مورد استفاده در دستگاه PCR شامل یک سیکل اولیه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴ دقیقه و ۳۰ ثانیه، و سپس ۳۰ سیکل شامل مراحل زیر بود: دمای واسرشته‌سازی (Denaturation) در ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال (Annealing) به مدت ۴۵ ثانیه در دمای اختصاصی هر پرایمر، و بسط و تکثیر (Extension) در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه. در انتها، دمای تکثیر نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه تنظیم شد.

پس از انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمرز برای تمامی نمونه‌ها، محصول PCR برای الکتروفورز افقی بر روی ژل آکریل‌آمید تزریق گردید. همچنین، محصول برای مشاهده و عکسبرداری از باندهای ایجاد شده برای هر نمونه و آماده‌سازی اطلاعات جهت ورود به نرم‌افزار GenAlex استفاده شد.

برای انجام PCR، ابتدا بافرها و dNTP پس از خروج از فریزر به مدت نیم دقیقه در زیر هود لامینار قرار داده شدند تا با محیط هم‌دما شوند و سپس روی دستگاه ورتکس به خوبی همگن گردیدند. برای هر نمونه یک ویال استریل ۰/۲ میلی‌لیتری در نظر گرفته و شماره‌گذاری شد.

پس از آن، ترکیبات مورد نیاز برای PCR شامل ۱۰۰ نانوگرم DNA، ۲۵ میکرولیتر از پرایمرهای F و R، ۲۵ میلی‌مولار $MgCl_2$ ، ۱۰ میلی‌مولار dNTP، ۵ واحد بافر PCR و ۵ واحد Taq polymerase به ویال‌ها در مجاورت یخ افزوده شدند و با استفاده از سمپلر به خوبی هم زده و سپس به مدت ۱۰ ثانیه سانتریفوژ شدند. بهترین دمای اتصال برای هر یک از پرایمرها با تعیین دامنه حرارتی مشخص گردید.

۳. نتایج

مقدار در لوکوس ۹ و در صیدگاه کلاهی ثبت گردید. همچنین، دامنه هتروزایگوسیتی مورد انتظار (He) در تمامی جایگاه ها بین ۰/۵۲۵ تا ۰/۷۶۵ بود و متوسط آن ۰/۶۷۹ به دست آمد. کمترین مقدار هتروزایگوسیتی مورد انتظار در لوکوس شماره ۵ در صیدگاه گروک و بیشترین مقدار در لوکوس ۲ در صیدگاه کلاهی ثبت گردید (جداول ۲ و ۳).

در این مطالعه، دامنه هتروزایگوسیتی مشاهده شده (H_o) در بین صیدگاه های مورد مطالعه برای تمامی لوکوس ها بین ۰/۲۳۱ تا ۰/۷۶۹ و متوسط آن ۰/۴۸۲ بود. کمترین میزان هتروزایگوسیتی در لوکوس ۲ و در صیدگاه طولاً مشاهده شد، در حالی که بیشترین

جدول ۲- بررسی جایگاه های ژنی ریزماهوره در میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguensis*). تعداد آللها (Na)، تعداد آلل های مؤثر (Ne)، هتروزایگوسیتی مشاهده شده (H_o) و هتروزایگوسیتی قابل انتظار (He) برای هر جایگاه ژنی نشان داده شده است.

Table 2- Analysis of Microsatellite Loci in *Fenneropenaeus merguensis*. Number of Alleles (Na), Effective Alleles (Ne), Observed Heterozygosity (H_o), and Expected Heterozygosity (He) for Each Genetic Locus.

Population	Locus	Na	Ne	Shannon Index	H_o	He
Released	Locus1	5	2.566	1.162	0.458	0.61
	Locus2	5	4.011	1.471	0.526	0.751
	Locus3	6	2.916	1.325	0.545	0.657
	Locus4	4	3.373	1.269	0.409	0.704
	Locus5	4	3.681	1.346	0.292	0.728
	Locus6	4	3.31	1.268	0.417	0.698
	Locus7	4	3.888	1.371	0.727	0.743
	Locus8	4	3.558	1.326	0.538	0.719
	Locus9	5	3.66	1.384	0.619	0.727
	Locus10	5	3.942	1.445	0.462	0.746
Grok	Locus1	5	3.025	1.267	0.424	0.669
	Locus2	5	3.523	1.405	0.583	0.716
	Locus3	6	2.91	1.306	0.448	0.656
	Locus4	4	3.556	1.315	0.429	0.719
	Locus5	4	2.105	0.982	0.25	0.525
	Locus6	5	3.153	1.319	0.421	0.683
	Locus7	5	2.975	1.272	0.393	0.664
	Locus8	4	3.503	1.316	0.529	0.715
	Locus9	5	3.956	1.427	0.633	0.747
	Locus10	5	3.674	1.412	0.462	0.728
Kolahi	Locus1	5	3.247	1.348	0.412	0.692
	Locus2	6	4.261	1.557	0.643	0.765
	Locus3	4	2.562	1.089	0.286	0.61
	Locus4	4	3.143	1.25	0.727	0.682
	Locus5	4	2.939	1.222	0.615	0.66
	Locus6	4	3.723	1.345	0.273	0.731
	Locus7	4	2.82	1.207	0.647	0.645
	Locus8	4	3.659	1.336	0.733	0.727
	Locus9	4	2.467	1.102	0.769	0.595

	Locus10	4	3.664	1.341	0.429	0.727
	Locus1	5	2.504	1.085	0.423	0.601
	Locus2	5	2.735	1.262	0.526	0.634
	Locus3	4	3.326	1.262	0.5	0.699
	Locus4	6	3.39	1.46	0.35	0.705
Power Plant	Locus5	4	3.327	1.27	0.579	0.699
	Locus6	4	2.714	1.109	0.286	0.632
	Locus7	5	3.354	1.343	0.667	0.702
	Locus8	5	3.542	1.407	0.429	0.718
	Locus9	4	3.137	1.25	0.45	0.681
	Locus10	5	3.769	1.412	0.667	0.735
	Locus1	4	2.268	1.059	0.333	0.559
	Locus2	4	2.704	1.23	0.231	0.63
	Locus3	4	3.236	1.258	0.333	0.691
	Locus4	4	2.373	1.06	0.364	0.579
Tula	Locus5	3	2.153	0.901	0.462	0.536
	Locus6	3	2.951	1.09	0.273	0.661
	Locus7	4	2.925	1.161	0.571	0.658
	Locus8	4	3.634	1.34	0.615	0.725
	Locus9	4	3.532	1.312	0.5	0.717
	Locus10	4	2.689	1.23	0.455	0.628

جدول ۳- مقایسه میانگین هتروزوگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده در جمعیت های چهارگانه مورد بررسی
Table 3- Comparison of Mean Expected and Observed Heterozygosity in the Four Studied Populations

Population	Observed Heterozygosity	Expected Heterozygosity	P < 0.05
Released Shrimp	0.499 ± 0.038	0.708 ± 0.014	ns
Grok Fishing Ground	0.457 ± 0.034	0.682 ± 0.020	ns
Kolahi Fishing Ground	0.553 ± 0.059	0.683 ± 0.018	ns
Bandar Abbas Power Plant	0.488 ± 0.040	0.681 ± 0.014	ns
Tula	0.414 ± 0.040	0.638 ± 0.021	ns

ns = not significant

بررسی شده، به جز لوکوس های ۲ و ۸ در جمعیت میگوهای ۱ گرمی رهاسازی شده؛ لوکوس های ۲ و ۹ در صیدگاه گروک؛ لوکوس های ۱، ۴، ۷، ۸ و ۹ در صیدگاه کلاهی؛ لوکوس های ۱ و ۱۰ در صیدگاه نیروگاه بندرعباس و لوکوس های ۴، ۵، ۶، ۷، ۸ و ۱۰ در صیدگاه طولا، سایر جایگاه های ژنی خارج از تعادل هاردی-واینبرگ بودند (جدول ۵). همچنین، بیشترین و کمترین میزان انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ به ترتیب در لوکوس ۳ و لوکوس های ۲ و ۸ مشاهده گردید.

حد اکثر تعداد آلل بین تمامی صیدگاه ها در لوکوس های ۷، ۸، ۹ و ۱۰ در صیدگاه طولا و کمترین فراوانی در لوکوس های ۱ و ۲ در میگوهای ۱ گرمی رهاسازی شده مشاهده شد (جدول ۱). مجموعاً ۵ آلل اختصاصی در میان ۳ جمعیت از صیدگاه های مورد مطالعه (گروک، کلاهی و نیروگاه بندرعباس) ثبت گردید (جدول ۴). بیشترین آلل اختصاصی در صیدگاه نیروگاه بندرعباس با ۳ آلل مشاهده شد و در دو صیدگاه کلاهی و گروک، هر کدام یک آلل اختصاصی ثبت گردید.

به منظور بررسی تعادل هاردی-واینبرگ در تمامی صیدگاه های مورد بررسی، از آزمون X^2 استفاده شد (جدول ۳). در جمعیت های

جدول ۴- آلل‌های اختصاصی مشاهده شده در صیدگاه‌های مختلف میگوی موزی در صیدگاه‌های هرمزگان
Table 4- Specific Alleles Observed in Different Shrimp Catching Sites in Hormozgan

Frequency	Allele	Locus	Population
0.026	5	6	2
0.036	6	2	3
0.025	5	4	4
0.15	6	4	4
0.048	5	8	4

جدول ۵- بررسی تعادل هاردی-واینبرگ در پنج جمعیت مورد مطالعه میگوی *Fenneropenaeus merguensis* در استان هرمزگان

Table 5- Examination of Hardy-Weinberg Equilibrium in Five Populations of *Fenneropenaeus merguensis* Studied in Hormozgan Province

Population	Locus	Degrees of Freedom	Chi-Square	Probability Range	Significance
Released Shrimp	Locus1	10	30.74	0.001	***
	Locus2	10	17.698	0.06	ns
	Locus3	15	56.373	0	***
	Locus4	6	22.451	0.001	**
	Locus5	6	31.745	0	***
	Locus6	6	45.23	0	***
	Locus7	6	16.335	0.012	*
	Locus8	6	12.188	0.058	ns
	Locus9	10	24.128	0.007	**
	Locus10	10	26.368	0.003	**
Grok	Locus1	10	22.032	0.015	*
	Locus2	10	11.185	0.343	ns
	Locus3	15	75.667	0	***
	Locus4	6	21.752	0.001	**
	Locus5	6	27.685	0	***
	Locus6	10	18.414	0.048	*
	Locus7	10	23.666	0.009	**
	Locus8	6	16.443	0.012	*
	Locus9	10	14.385	0.156	ns
	Locus10	10	19.315	0.036	*
Kolahi	Locus1	10	15.227	0.124	ns
	Locus2	15	41.792	0	***
	Locus3	6	18.06	0.006	**
	Locus4	6	5.28	0.508	ns
	Locus5	6	18.701	0.005	**
	Locus6	6	14.105	0.028	*
	Locus7	6	10.851	0.093	ns
	Locus8	6	3.744	0.711	ns
	Locus9	6	6.991	0.322	ns

	Locus10	6	13.475	0.036	*
	Locus1	10	16.877	0.077	ns
	Locus2	10	29.166	0.001	**
	Locus3	6	13.579	0.035	*
	Locus4	15	33.267	0.004	**
Bandar Abbas Power Plant	Locus5	6	15.158	0.019	*
	Locus6	6	16.929	0.01	**
	Locus7	10	19.035	0.04	*
	Locus8	10	32.929	0	***
	Locus9	6	13.593	0.035	*
	Locus10	10	9.731	0.464	ns
	Locus1	6	15.213	0.019	*
	Locus2	6	13.202	0.04	*
	Locus3	6	12.764	0.047	*
	Locus4	6	7.964	0.241	ns
Tula	Locus5	3	5.262	0.154	ns
	Locus6	3	7.524	0.057	ns
	Locus7	6	4.42	0.62	ns
	Locus8	6	9.764	0.135	ns
	Locus9	6	14.997	0.02	*
	Locus10	6	5.992	0.424	ns

ns = not significant, * P < 0.05, ** P < 0.01, *** P < 0.001

گروک - طولا و کلاهی - نیروگاه بندرعباس مشاهده گردید (جدول ۸).

کمترین و بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف مورد مطالعه از نظر شاخص Nei به ترتیب بین جمعیت صیدگاه کلاهی با نیروگاه بندرعباس و صیدگاه گروک با طولا مشاهده شد (جدول ۹).

به منظور بررسی مقایسه‌ای بین جمعیت‌ها و صیدگاه‌های مطالعه شده، با استفاده از نرم‌افزار GenAlex، نمودار آزمون سنجش ژنتیکی (Assignment Test) ترسیم شده و مورد مقایسه قرار گرفت (شکل ۳؛ جدول ۱۰).

بر اساس تست تحلیل واریانس مولکولی (AMOVA) از نمونه‌های اخذ شده از میان جمعیت‌های مورد بررسی، کمترین و بیشترین مقدار Fst به ترتیب به میزان ۰/۰۱ و ۰/۰۶۵ بین جمعیت‌های کلاهی - نیروگاه و گروک - طولا مشاهده شد (جدول ۶).

همچنین، جدول محاسبه میزان Fst بر اساس فراوانی آلی توسط نرم‌افزار GenAlex نشان‌دهنده کمترین و بیشترین فاصله ژنتیکی به ترتیب بین جمعیت صیدگاه نیروگاه بندرعباس با صیدگاه کلاهی و صیدگاه طولا با صیدگاه گروک بود (جدول ۷).

در بررسی جریان ژنی بین جمعیت‌های مطالعه شده (بر اساس Nm)، کمترین و بیشترین مقدار به ترتیب در بین صیدگاه‌های

جدول ۶- میزان Fst بر اساس تست AMOVA در جمعیت‌های چهارگانه میگوی موزی در استان هرمزگان

Table 6- Fst Values Based on AMOVA Test in Four Populations of Banana Shrimp in Hormozgan Province

Population	Released shrimp	Grok	Kolahi	Bandar Abbas Power Plant
Grok	0.038			
Kolahi	0.048	0.022		
Bandar Abbas Power Plant	0.03	0.032	0.01	
Tula	0.057	0.065	0.048	0.022

جدول ۷- میزان Fst بر اساس فراوانی آلی در صیدگاه های چهارگانه میگوی موزی در استان هرمزگان

Table 7- Fst Values Based on Allele Frequencies in Four Populations of Banana Shrimp in Hormozgan Province

Population	Released shrimp	Grok	Kolahi	Bandar Abbas Power Plant
Grok	0.034			
Kolahi	0.045	0.044		
Bandar Abbas Power Plant	0.038	0.044	0.031	
Tula	0.058	0.069	0.055	0.035

جدول ۸- مقایسه جریان ژنی (Nm) در بین جمعیت های میگوی موزی مطالعه شده در استان هرمزگان

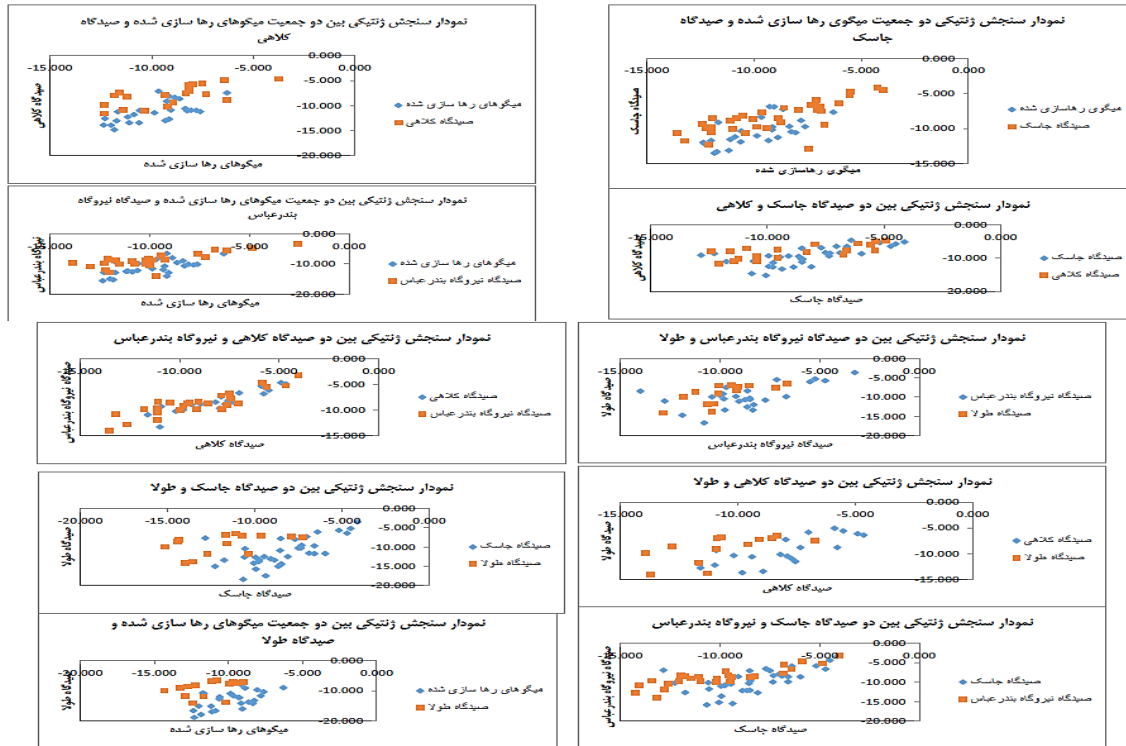
Table 8- Comparison of Gene Flow (Nm) Among Studied Populations of Banana Shrimp in Hormozgan Province

Population	Released shrimp	Grok	Kolahi	Bandar Abbas Power Plant
Grok	6.955			
Kolahi	5.306	5.432		
Bandar Abbas Power Plant	6.329	5.432	7.815	
Tula	4.06	3.373	4.295	6.893

جدول ۹- فاصله ژنتیکی Nei بین جمعیت های مورد مطالعه میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguensis*) در استان هرمزگان

Table 9- Nei Genetic Distance Among Studied Populations of Banana Shrimp (*Fenneropenaeus merguensis*) in Hormozgan Province

Population	Released shrimp	Grok	Kolahi	Bandar Abbas Power Plant
Grok	0.175			
Kolahi	0.224	0.222		
Bandar Abbas Power Plant	0.222	0.227	0.15	
Tula	0.295	0.352	0.262	0.153



شکل ۳- نمودار مقایسه‌ای سنجش ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف مورد مطالعه میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguensis*) در استان هرمزگان

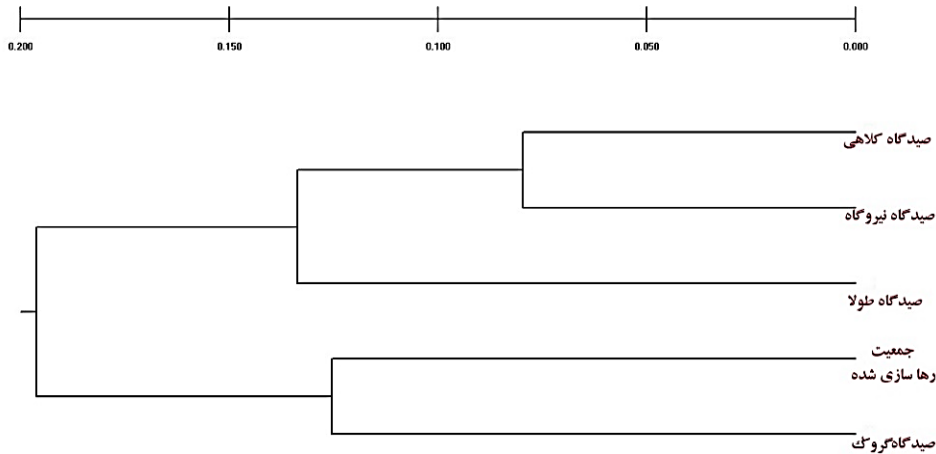
Fig. 3- Comparative Genetic Assignment Test Chart Among Studied Populations of Banana Shrimp (*Fenneropenaeus merguensis*) in Hormozgan Province

جدول ۱۰- جدول مقایسه‌ای آزمون سنجش ژنتیکی بین جمعیت‌های مورد بررسی در صیدگاه‌های هرمزگان
Table 10- Comparative Genetic Assignment Test Table Among Studied Populations in Hormozgan Catchment Areas

Populations Compared	Mean Measurement at Analyzed Loci	Standard Deviation
Released Shrimp - Grok	-10.384	1.875
Released Shrimp - Kolahi	-11.278	2.052
Released Shrimp - Power Plant	-11.159	2.38
Released Shrimp - Tula	-13.063	2.897
Grok - Kolahi	-9.393	2.669
Grok - Power Plant	-9.781	2.989
Grok - Tula	-11.322	3.533
Kolahi - Power Plant	-8.255	2.119
Kolahi - Tula	-9.463	2.678
Power Plant - Tula	-9.482	2.992

نزدیکی جمعیت‌های مورد مطالعه بود. با این حال، تشکیل دو کلاد جمعیتی (متشکل از صیدگاه گروک - جمعیت رهاسازی شده و صیدگاه‌های کلاهی، نیروگاه و طول) بیانگر تشکیل دو گروه جمعیتی در منطقه مورد مطالعه می‌باشد (شکل ۴).

ترسیم درخت تکاملی با روش تجزیه و تحلیل خوشه‌ای میانگین متصل (UPGMA: Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) و با استفاده از نرم‌افزار TFPGA (Tool for Genetic Analysis) نسخه ۳/۱، نشان‌دهنده



شکل ۴- درخت تکاملی جمعیت‌های مورد مطالعه با روش UPGMA
 Fig. 4- Phylogenetic Tree of Studied Populations Using UPGMA Method

۴. بحث و نتیجه گیری

مطالعه میزان هتروزیگوسیتی موجود در یک جمعیت، به درک تنوع زیستی آن کمک می‌کند. ارزیابی تنوع ژنتیکی یکی از مؤلفه‌های اصلی در حفاظت از ذخایر و برنامه‌های مدیریت شیلاتی مربوط به گونه‌های اقتصادی یا در معرض خطر است. تنوع زیستی در گونه‌های تجاری می‌تواند به پایداری طولانی‌مدت این ذخایر کمک کند و باید بیشتر در برنامه‌های مدیریت شیلاتی مورد توجه قرار گیرد (Cao et al., 2017).

Tamadoni Jahromi et al. (2014) در مطالعه‌ای بر روی جمعیت میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguensis*) در آب‌های خلیج فارس (از گروک تا گواتر)، نرخ هتروزیگوسیتی را به طور میانگین ۰/۶۱ ثبت کردند. در مطالعه حاضر، متوسط میزان هتروزیگوسیتی ۰/۴۸۲ به دست آمد. به جز چهار لوکوس در صیدگاه کلاهی، در تمام لوکوس‌های مطالعه‌شده، میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار از هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده بالاتر بود. از جمله دلایل کاهش میزان هتروزیگوسیتی می‌توان به تنگناهای ژنتیکی نظیر آمیزش درون جمعیتی، صید بی‌رویه، رانش ژنتیکی، کاهش سطح زیستگاه‌ها و از بین رفتن مناطق نوزادگاهی اشاره کرد. این عوامل ممکن است در میان مدت آسیب‌پذیری جمعیت را افزایش داده و منجر به کاهش ذخیره موجود شوند. (Xu et al., 2001)

اختلاف معنادار در تعادل هاردی-واینبرگ در اغلب لوکوس‌های مورد بررسی را می‌توان ناشی از افزایش همزیگوسیتی به دلیل وجود آلل‌های نول یا مکانیسم‌های بوم‌شناختی دانست (Shokohmand et al., 2011). Xu et al. (2001) در بررسی خود بر روی میگوی *Penaeus monodon* وجود آلل‌های نول را عامل افزایش همزیگوسیتی و انحراف از تعادل

هاردی-واینبرگ تشخیص دادند. این نتایج در مطالعه‌ی Supungul et al. (2000) نیز تأیید شد.

شاخص F_{st} به منزله تفاوت ژنتیکی بین دو جمعیت به واسطه تنوع ژنتیکی است و مقادیر بالاتر، تفاوت بیشتر بین دو جمعیت مقایسه‌شده را نشان می‌دهد. به این ترتیب، مقدار صفر نشان‌دهنده ارتباط کامل آمیزشی بین جمعیت‌های مقایسه‌شده (Panmictic) و مقدار یک، مبین دو جمعیت کاملاً جدا از هم می‌باشد (Holsinger and Weir, 2009). در این مطالعه، بیشترین میزان F_{st} در مقایسه جفتی (Pairwise) جمعیت‌ها، بین صیدگاه‌های کلاهی و طولا و کمترین مقدار بین صیدگاه‌های کلاهی و نیروگاه بندرعباس مشاهده شد. همچنین، بررسی مقایسه‌ای صیدگاه‌های گروک و طولا و کلاهی و نیروگاه بندرعباس به ترتیب نشان‌دهنده کمترین و بیشترین جریان ژنی (Nm) مشاهده‌شده بین جمعیت‌های مورد مطالعه بود. این دو شاخص به خوبی نشان‌دهنده فاصله ژنتیکی جمعیت موجود در صیدگاه‌های یادشده است.

Wright (1984) بر این باور است که مقادیر F_{st} بین ۰ تا ۰/۰۵ نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی پایین، ۰/۰۵ تا ۰/۱۵ تمایز ژنتیکی متوسط، ۰/۱۵ تا ۰/۲۵ بالا و بیش از ۰/۲۵ بسیار بالا می‌باشد. به این ترتیب، می‌توان تمایز ژنتیکی جمعیت میگوهای رهاسازی شده، صیدگاه کلاهی و گروک را در مقایسه با جمعیت صیدگاه طولا در حد متوسط تفسیر کرد. جریان ژنی (Nm) بین جمعیت‌های یادشده و صیدگاه طولا نیز بیانگر این فاصله ژنتیکی است. در واقع، فاصله جمعیت میگو در صیدگاه‌های شرق هرمزگان با صیدگاه طولا در غرب این استان را می‌توان بر مبنای کاهش جریان ژنی بین آن‌ها تبیین کرد. جدول ۷ نشان‌دهنده فاصله جغرافیایی جمعیت‌های مورد بررسی از یکدیگر در مقایسه با میزان F_{st} محاسبه‌شده می‌باشد.

مهاجرتی میگوها از جمعیت های مختلف و استفاده از نتایج آن را در جهت مدیریت بهینه اینگونه ذخایر اقتصادی روشن تر می سازد.

۵. تشکر و قدردانی

لازم می دانم از کلیه اساتید و همکاران محترم که در اجرای این پروژه همکاری کردند، به ویژه آقایان دکتر محمدخلیل پذیر، دکتر نصیر نیا میمندی و دکتر مسلم شریفی نیا، اعضای محترم هیئت علمی پژوهشکده میگوی کشور، دکتر سید احمد قاسمی، عضو محترم هیئت علمی دانشگاه خلیج فارس (بوشهر)، دکتر بابک قائد نیا، عضو محترم هیئت علمی مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سرکار خانم دکتر میر بخش، عضو محترم هیئت علمی مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، آقایان دکتر افخمی، دکتر دریایی و مهندس کریمی از اداره کل شیلات استان هرمزگان، و همچنین تمامی سرورانی که در تمام مراحل اجرای این پروژه نهایت همکاری را مبذول داشته اند، صمیمانه تشکر و قدردانی نمایم.

از جمله عوامل بروز این کاهش جریان ژنی می توان به جریان های دریایی (با تأثیر بر انتشار لاروهای پلاژیک) (Weersing and Toonen, 2009) و یا وجود دو رویشگاه مجزای حرأ (به عنوان مناطق نوزادگاهی برای میگوی *Fenneropenaeus merguensis*) در مجاورت صیدگاه کلاهی (منطقه میناب حدفاصل عرض های ۲۷ درجه و ۸ دقیقه تا ۲۷ درجه و ۲ دقیقه شمالی و طول های ۵۶ درجه و ۴۴ دقیقه تا ۵۶ درجه و ۵۷ دقیقه) و طولاً (بین عرض ۲۶ درجه و ۴ دقیقه تا ۲۸ درجه و ۶ دقیقه و طول جغرافیایی ۵۲ درجه و ۶ دقیقه تا ۵۵ درجه و ۴۰ دقیقه) اشاره کرد (Xu et al., 2001).

نمودارهای سنجش ژنتیکی (Assignment tests) جمعیت های مورد مطالعه، نشان دهنده کمترین واگرایی جمعیت بین صیدگاه کلاهی و نیروگاه بندرعباس و بیشترین واگرایی بین صیدگاه های گروک و طولاً می باشد. این نمودارها تأیید کننده میزان جریان ژنی بین صیدگاه های یادشده نیز هستند. You et al. (2008) از این آزمون در بررسی رابطه جمعیت های گوناگون میگوی ببری سیاه (*Penaeus monodon*) در منطقه اقیانوس هند-اقیانوس آرام استفاده کردند. مطالعه حاضر، لزوم بررسی بیشتر در خصوص الگوی

References:

- Cao, Y.Y., Shangguan, J.B. and Li, Z.B., 2017. Population genetic analysis and conservation strategies for redbtail shrimp *Fenneropenaeus penicillatus* using ten microsatellite markers. *Genetics and Molecular Research*, 16(1), pp.108-112. <https://doi.org/10.4238/gmr16019068>
- FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations)., 2018. *The State of World Fisheries and Aquaculture 2018*. Food and Agriculture Organization: Rome, 227 pp.
- Gopalakrishnan, A., Jayasankar, J., Shah, P. and Shalin, S., 2017. Genetic stock characterization of fish using molecular markers in Course manual summer school on advanced methods for fish stock assessment and fisheries management. *Lecture Note Series*, 2, pp.308-316.
- Holleley, C.E. and Geerts, P.G., 2009. Multiplex Manager 1.0: a cross-platform computer program that plans and optimizes multiplex PCR. *BioTechniques*, 46(7), pp. 511-517. <https://doi.org/10.2144/000113156>
- Holsinger, K.E. and Weir, B.S., 2009. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{ST}. *Nature Reviews Genetics*, 10(9), 639-650. <https://doi.org/10.1038/nrg2611>
- Holthuis, L.B. 1980. *FAO species catalogue. Vol. 1 Shrimps and prawns of the world. An annotated catalogue of species of interest to fisheries*. 125, pp. 271.
- Litt, M. and Luty, J.A., 1989. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *American Journal of Human Genetics*, 44(3), pp. 397.
- Liu, Z., Li, P., Kocabas, A., Karsi, A. and Ju, Z., 2001. Microsatellite-containing genes from the channel catfish brain: evidence of trinucleotide repeat expansion in the coding region of nucleotide excision repair gene RAD23B. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 289(2), pp. 317-324. <https://doi.org/10.1006/bbrc.2001.5978>
- McMillen-Jackson, A.L. and Bert, T.M. 2004. Genetic diversity in the mtDNA control region and population structure in the pink shrimp *Farfantepenaeus duorarum*. *Journal of Crustacean Biology*, 24(1), pp.101-109. <https://doi.org/10.1651/C-2372>
- Momeni, M., Keymaram, F., Salarpouri, A., Behzadi, S., Darvishi, M., Khajehouri, K. and Safaei, M., 2015. Stock assessment of Banana shrimp (*Penaeus merguensis*) in coastal waters of Hormozgan province.

- Iranian Fisheries Science Research Institute. (In Persian) 42(1), pp. 83-97. <https://doi.org/10.1093/icesjms/42.1.83>
- O'connell, M. and Wright, J.M., 1997. Microsatellite DNA in fishes. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 7, pp. 331-363. <https://doi.org/10.1023/A:1018443912945>
- Shokoohmand, M., Zolgharneen, H., Laloei, F., Fooroghmand, A.M. and Savari, A., 2011. Genetic variation of *Metapenaeus affinis* in Persian Gulf coastal waters using microsatellite markers. *Iranian Scientific Fisheries Journal*, 20(3), 45-54. <https://doi.org/2010.22092/ISFJ.2017.110006>. (In Persian).
- Supungul, P., Sootanan, P., Klinbunga, S., Kamonrat, W., Jarayabhand, P. and Tassanakajon, A., 2000. Microsatellite polymorphism and the population structure of the black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) in Thailand. *Marine Biotechnology*, 2, pp. 339-347. <https://doi.org/10.1007/s101260000012>
- Tautz, D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, 17(16), pp. 6463-6471. <https://doi.org/10.1093/nar/17.16.6463>
- Tamadoni Jahromi, S., Rezvani Gilkolaei, S., Ghadirnejad, S. H., Ghoroghi, A., Tala, M. and Sadeghi, M. R., 2014. Molecular investigation of banana shrimp (*P. merguensis*) populations from Persian Gulf and Oman sea using microsatellite markers. *Journal of Veterinary Research*, 69(1), pp. 85-93. doi: 10.22059/jvr.2014.36716. (In Persian)
- Taylor, A.C., Sherwin, W.B. and Wayne, R.K., 1994. Genetic variation of microsatellite loci in a bottlenecked species: the northern hairy-nosed wombat *Lasiorninus krefftii*. *Molecular Ecology*, 3(4), pp. 277-290. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1994.tb00068.x>
- Valles-Jimenez, R., Cruz, P. and Perez-Enriquez, R., 2004. Population genetic structure of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) from Mexico to Panama: microsatellite DNA variation. *Marine Biotechnology*, 6, pp. 475-484. <https://doi.org/10.1007/s10126-004-3138-6>
- Vance, D.J., Staples, D.J. and Kerr, J.D., 1985. Factors affecting year-to-year variation in the catch of banana prawns (*Penaeus merguensis*) in the Gulf of Carpentaria, Australia. *ICES Journal of Marine Science*, 42(1), pp. 83-97. <https://doi.org/10.1093/icesjms/42.1.83>
- Weersing, K. and Toonen, R.J., 2009. Population genetics, larval dispersal, and connectivity in marine systems. *Marine Ecology Progress Series*, 393, pp. 1-12. <https://doi.org/10.3354/meps08287>
- Wright, S., 1984. *Evolution and the genetics of populations, volume 4: variability within and among natural populations* (Vol. 4). University of Chicago press, 590 pp.
- Xu, Z., Primavera, J. H., de la Peña, L. D., Pettit, P., Belak, J. and Alcaraz-Warren, A., 2001. Genetic diversity of wild and cultured black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) in the Philippines using microsatellites. *Aquaculture*, 199(1-2), pp. 13-40. [https://doi.org/10.1016/S0044-8486\(00\)00535-4](https://doi.org/10.1016/S0044-8486(00)00535-4)
- You, E.M., Chiu, T.S., Liu, K.F., Tassanakajon, A., Klinbunga, S., Triwitayakorn, K. 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(3), pp. 267-277. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2008.01724.x>