شیلات، مجله منابع طبیعی ایران
دوره ۶۸، شماره ۴، زمستان ۱۳۹۴
ص۶۰۳-۶۱۳

تاریخ دریافت: ۱۳۹۲/۱۰/۲۶
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۳/۲۰

شجره‌شناسی گونه‌ای اویستر بالدار مرواریدساز (*Pteria loveni*; Bivalvia: Pteriidae) از نواحی زیر جزرومدی خلیج چابهار بر اساس توالی ژن *COI*

❖ **گیلان عطاران فریمان*:** استادیار دانشگاه دریانوردی و علوم دریایی چابهار، دانشکدهٔ علوم دریایی، گروه زیست دریا.
❖ **نجمه راستی:** دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشگاه دریانوردی و علوم دریایی چابهار، دانشکدهٔ علوم دریایی،گروه زیست دریا.
❖ **فاطمه ناصری:** کارشناس ارشد، ادارهٔ دامپزشکی چابهار.

چکیده

دوکفه‌ای‌ها دومین ردهٔ بزرگ نرم‌تنان‌اند که در سازگاری به انواع زیستگاه‌های دریایی و آب شیرین بسیار موفق بوده‌اند، از دریاهای نزدیک به قطب جنوب تا آب‌های گرمسیری و از سواحل کم‌عمق تا نواحی عمیق پراکنش دارند. شجره‌شناسی کمک‌های قابل توجهی در مطالعات تطبیقی با ردیابی ژن گونهٔ زنده و ارزیابی تکامل تاریخی آن‌ها می‌کند. در این تحقیق گونه‌ای از اویستر بالدار مرواریدساز از مناطق زیر جزرومدی خلیج چابهار به منظور بررسی توالی ژنی در سال ۱۳۹۲ جمع‌آوری شد. توالی نوکلئوتیدها در واحد ۱ ژن سیتوکروم اکسیداز (*COI*) بررسی شد. توالی گونهٔ مورد مطالعه با توالی ۱۸ گونه متعلق به دو جنس از خانوادهٔ Pteriidae موجود در بانک ژن مقایسه شد. روابط فیلوژنتیکی از طریق آنالیز Maximum Liklihood تجزیه و تحلیل شد. در این مطالعه تک‌تباری میان دو جنس مشهود است و نزدیک‌ترین گونه از نظر توالی ژنی به گونهٔ مورد مطالعه از ایران گونهٔ *Pteria loveni* است که با ۷۱٪ بوت‌استرپ حمایت می‌شود. این اولین گزارش این گونه از سواحل جنوبی ایران است.

واژگان کلیدی: اویستر بالدار مرواریدساز، چابهار، دوکفه‌ای، شجره‌شناسی، نواحی زیرجزرومدی، *COI*.

* نویسندهٔ مسئول تلفن همراه: ۰۹۱۵۱۴۵۰۰۷۸
Email: g.attaran@cmu.ac.ir

۱. مقدمه

دوکفه‌ای‌ها رده‌ای از نرم‌تنان‌اند که در هر دو بستر نرم و سخت در دریا زندگی می‌کنند (Giribet, 2008). دوکفه‌ای‌ها به پنج زیررده زندهٔ Protobranchia ، Heterodonta ،Palaeoheterodonta ،Pteriomorphia و Anomalodesmata تقسیم شده‌اند، که این تقسیم‌بندی عمدتاً بنا بر مطالعات ریخت‌شناسی پوسته و بدن بوده است (Millard, 2001). زندگی سطح‌زی بین دوکفه‌ای‌ها و در بیشتر گونه‌های زیررده Pteriomorphia دیده می‌شود (Stanley, 1968). با وجود این، بیشتر دوکفه‌ای‌های بالاخانوادهٔ Pterioiidae ، متعلق به زیررده Pteriomorpha ، مکان مناسبی برای چسبیدن دیگر جانوران‌اند، بالاخانوادهٔ Pterioiidae شامل چهار خانواده (Pteriidae, Pulvinitidae, Mallieidae, Isognomonidae) می‌شود، که زیستگاه آن‌ها بسترهای مختلف از قبیل صخره‌ها، مرجان‌ها و اسفنج‌هاست (Temkin, 2006).

بالاخانوادهٔ Pterioiidae (Gray, 1847) دودمانی قدیمی از دوکفه‌ای‌های دریایی است که در مناطق فلات قارهٔ حاره‌ای و شبه‌حاره‌ای پراکنش دارد. از بین دوکفه‌ای‌های Pterioidean به استثنای Pulvinitidae، که اخیراً تجدید نظر شده (Temkin, ; Palmer, 1984 2006)، وضعیت دیگر خانواده‌ها نیاز به طبقه‌بندی دقیق دارد. اخیراً مطالعات شجره‌شناسی تک‌نیایی بودن احتمالی این گروه‌ها را به چالش کشیده است (Steiner and Hammer, 2000; Giribet and Distel, 2003; Temkin, 2006). مخصوصاً در بررسی گونه‌ای Pterioidean که تنوع زیادی در رنگ و شکل پوسته دارند؛ رنگ و شکل پوسته دو ساختار اصلی‌اند که طبقه‌بندی سنتی این گروه بر اساس آن استوار است.

در خانوادهٔ Pteriidae، گونه‌های Pteriid به‌آسانی از ساختار پوسته شناسایی می‌شوند. تفاوت‌های جزئی در رنگ، شکل و اندازهٔ آن‌ها دیده می‌شود و منشأ جغرافیایی به طور معمول به‌منزلهٔ معیاری برای تعیین نام گونه‌های جدید استفاده می‌شود (Tëmkin et al., 2009).

Pteriidae دوکفه‌ای‌های مهم اقتصادی در غرب اقیانوس آرام‌اند. این دوکفه‌ای‌ها از زمان‌های قدیم به علت توانایی تولید مروارید بسیار استفاده می‌شدند. برخی از گونه‌ها برای تولید مروارید، به‌منزلهٔ منبع مادر مروارید، در صنعت کشت مروارید استفاده می‌شوند. بخش نرم آن‌ها نیز در بسیاری از بخش‌های منطقهٔ اقیانوس آرام مصرف می‌شود (Shirai, 1994). از گونه‌های متعلق به خانوادهٔ Pteriidae که در اقیانوس‌های جهان یافت می‌شوند جنس‌های *Pinctada* و *Pteria* گونه‌های مورد استفاده در تولید تجاری مرواریدند (Tëmkin et al., 2009).

طی دههٔ گذشته، محققان شجره‌شناسی مولکولی دوکفه‌ای را بر اساس ژن 18S هسته‌ای DNA ریبوزومی (18S rDNA) (Campbell, 2000; Canapa et al., 1999; Adamkewicz et al., 1997; Distel, 2000; Frischer et al., 1998; Steiner and Hammer, 2000; Steiner and Muller, 1996)، 16S rRNA میتوکندریایی (Canapa et al ., 1996;

(Canapa et al ., 2000) و 28S rDNA هسته‌ای (Foighil and Taylor, 2000) بررسی کردند. به‌خصوص ژن 18S rDNA برای تجزیه و تحلیل شجره‌شناسی مولکولی کاربردی بوده است (Winnepenninckx et al., 1996). توالی میتوکندریایی برای تجزیه و تحلیل رابطهٔ میان موجوداتی که خویشاوندی دوری با هم دارند مفید است (Kocher et al., 1989) و ژن سیتوکروم اکسیداز C زیر واحد ۱ (*COI*) در میان Metazoa بسیار مورد استفاده است (Jacobs et al., 1988). بنابراین، این ژن به‌منزلهٔ نشانگر مولکولی مناسبی برای تجزیه و تحلیل روابط شجره‌شناسی در میان Pteriomorphia، در مقایسه با ژن 18S rDNA و ژن میوزین انتخاب شده است.

بررسی‌های ریخت‌شناسی دوکفه‌ای‌ها نه منجر به شجره‌شناسی‌ای پایدار و نه منجر به طبقه‌بندی‌ای گسترده می‌شود. بررسی‌های مولکولی سهم چشمگیری در طبقه‌بندی دوکفه‌ای‌ها و شجره‌شناسی آن‌ها دارند، در دههٔ اخیر شجره‌شناسی بر اساس توالی نوکلئوتیدها در کنار مطالعات ریخت‌شناسی در بیشتر مطالعات پیشنهاد شده است (Giribet and Distel, 2003; Giribet and Wheeler, 2002; Harper et al., 2006; Mikkelsen et al., 2006; Olu-Le Roy et al., 2007). در ایران در مورد مطالعات مولکولی و ردیف ژنی دوکفه‌ای‌ها خلأ اطلاعاتی وجود دارد. هدف از این بررسی شناسایی و تعیین جایگاه شجره‌شناسی گونه‌ای از دوکفه‌ای‌های متعلق به جنس *Pteria* با استفاده ازتوالی ژنی *COI* بوده است. این گونه از نظر اقتصادی اهمیت بسیار دارد.

۲. مواد و روش‌ها

۱.۲. نمونه‌بردرای

نمونه‌برداری از مناطق زیر جزرومدی از زیستگاه این دوکفه‌ای در بسترهای مرجانی در خلیج چابهار با غواصی طی سال ۹۱ و ۹۲ انجام شد. هشت نمونهٔ جمع‌آوری‌شده به منظور بررسی خصوصیات زیست‌سنجی (اندازه‌گیری طول و عرض) و شناسایی مورفولوژیکی به آزمایشگاه منتقل شدند. پس از زیست‌سنجی‌های لازم مقداری از عضلهٔ آن‌ها را در میکروتیوب قرار دادند و نمونه‌ها در دمای ۲۰- درجهٔ سانتی‌گراد ذخیره شدند.

۲.۲. استخراج DNA

استخراج DNA از اویسترهای بالدار به روش CTAB انجام پذیرفت (Cullings, 1992; Dolye and Dickson, 1987; Dolye and Dolye, 1987). پس از استخراج DNA در دمای ۲۰- درجهٔ سانتی‌گراد نگهداری شد. با استفاده از ژل آگارز ۱/۵٪ نمونه‌ها الکتروفورز شدند تا کیفیت DNA سنجیده شود. کمیت DNA تغلیظ‌شده با دستگاه اسپکتروفوتومتر eppendorf مدل RS232C سنجش شد.

۳.۲. واکنش زنجیرهٔ پلیمراز (PCR)

پرایمرهای استفاده‌شده در واکنش زنجیره‌ای پلیمراز شامل، LCO1490: 5′-GGTCAACAAAforward, TCATAAAGATATTGG- 3′ و :reverse,HCO2198 5′ -TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3′ (Folmer et al., 1994) 710bp، قطعه‌ای از ژن سیتوکروم اکسیداز C زیرواحد ۱ (*COI*) بوده است.

واکنش PCR در حجم کل 50µl با استفاده از

دستگاه ترموسیکلر انجام شد. واکنش شامل ۱۰ نانوگرم DNA، بافر PCR (670 mMTris-HCL, 60mM (NH4) 2SO4)، dNTP ۲۰۰mM، کلرور منیزیم (3mM MgCl2)، 10pm از هر پرایمر، آنزیم 1U Taq polymerase و آب دی‌یونیزه تا رسیدن به حجم ۵۰ میکرولیتر بود.

برنامهٔ چرخه‌های دمایی داده‌شده به دستگاه ترموسایکلر نخست مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۹۴ درجهٔ سانتی‌گراد قرار گرفت، در این دما مولکول دورشته‌ای به صورت تک‌رشته‌ای درمی‌آید، سپس در سیکلی ۳۰تایی که شامل دمای ۹۴ درجهٔ سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه برای دناتوره شدن، دمای ۴۵ درجهٔ سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه برای اتصال پرایمر، دمای ۷۲ درجهٔ سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه برای بسط نهایی و دمای نهایی ۷۲ درجهٔ سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه بود کیفیت باندهای تکثیریافته با الکتروفورز روی ژل آگارز مشاهده شد.

۴.۲. آنالیز داده‌ها

محصول PCR برای تعیین توالی پس از Clean up از سوی شرکت سینا کلون به شرکت Source Bio Science UK کشور انگلیس ارسال شد. ویرایش توالی‌ها با استفاده از برنامهٔ Bioedit صورت گرفت. توالی به‌دست‌آمده از گونهٔ مورد مطالعه با توالی‌های ژنی *COI*، ۱۸ گونه از Pterioiidae با برنامهٔ Clustal X 2 هم‌تراز شدند و برای آنالیز شجره‌شناسی از برنامهٔ MEGA 5 استفاده شد. تجزیه و تحلیل مولکولی و ترسیم درخت با آنالیز (ML) Maximum Liklihood مدل Tamura-nei و با انتخاب گونهٔ *Graptacme eborea*، به‌منزلهٔ گروهی خارجی، به درخت ریشه داده شد.

جدول ۱. اسامی گونه‌های مورد استفاده در این تحقیق و شمارهٔ ثبت آن‌ها در بانک ژن

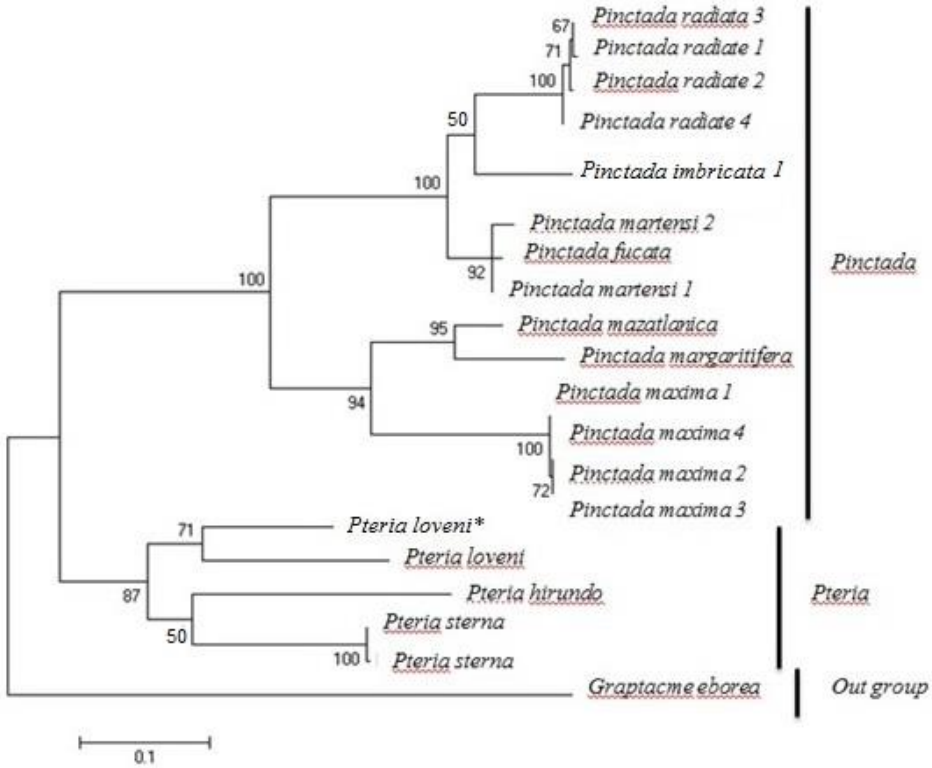
نام گونه	GenBank No
Pteria loveni*	KJ867464
Pinctada martensi1	GQ355882
Pinctada martensi2	JN974582
Pinctada imbricata1	GQ355883
Pinctadamargaritifera	GQ355872
Pinctadafucata	GQ355871
Pinctada mazatlanica	AF374319
Pinctada radiata1	GQ355878
Pinctada radiata2	GQ355877
Pinctada radiata3	GQ355876
Pinctada radiata4	GQ355875
Pinctada maxima1	JQ990829
Pinctada maxima2	JQ990828
Pinctada maxima3	JQ990827
Pinctada maxima4	JQ990830
Pteria loveni	AB076925
Pteria sterna1	AY223839
Pteria sterna2	GQ355874
Pteriahirundo	AF120647
Graptacmeeborea	AY260825

۳. نتایج

دوکفه‌ای‌های از جنس *Pteria* چسبیده به بادبزن‌های دریایی (sea fan) در نواحی زیر جزرومدی خلیج چابهار در آب‌های دریای عمان در جنوب شرق ایران مشاهده شدند. ویژگی‌های ریخت‌شناسی این گونه شامل موارد

زیر است: خط لولای مستقیم، بال پیشین کوتاه و بال پسین بسیار بلندتر، صدف زاویه‌دار و محدب، رنگ سطح خارجی ارغوانی- قهوه‌ای همراه با نوارهای زرد و طلایی، سطح داخلی دارای جلای صدفی در زمینهٔ آبی متمایل به بنفش، کفهٔ راست کوچک‌تر و تخت‌تر از کفهٔ چپ و برجستگی دندان‌مانند پیشین در کفهٔ چپ که کوچک است؛ این برجستگی در فرورفتگی کفهٔ راست قرار می‌گیرد (شکل ۱).

شکل ۱. a) کفهٔ چپ b) کفهٔ راست گونهٔ مورد نظر از جنس *Pteria* جمع‌آوری‌شده از بسترهای مرجانی (sea fan) زیر منطقهٔ جزرومدی خلیج چابهار ۱۳۹۱-۹۲



شکل ۲. درخت فیلوژنی رسم‌شده بر اساس توالی ژنی قسمتی از ژن *COI* با استفاده از آنالیز ML اعداد بوت‌استرپ با 1000 replication را نشان می‌دهد. گونهٔ *Graptacme eborea* به‌منزلهٔ گروه خارجی در نظر گرفته شده است. گونهٔ مورد مطالعه از ایران با علامت * مشخص شده است.

برای تأیید شناسایی، مقایسهٔ مولکولی گونهٔ مورد نظر با ۱۸ گونهٔ مشابه از نظر ژنتیکی از بانک ژن در منطقهٔ ژنی مورد نظر به طول ۵۳۵bp انجام و درخت فیلوژنی با آنالیز ML مدل Tamura-nei ترسیم شد. بررسی مولکولی نشان داد که گونهٔ مورد نظر به گونهٔ *Pteria loveni* شبیه است. آنالیز نشان داد که گونه‌ها در دو کلاد (Clade) قرار می‌گیرند این دو کلاد به دو جنس از خانوادهٔ Pterioiidae مربوطاند که گونهٔ مورد نظر در کلاد جنس *Pteria* قرار گرفته است. این کلاد با ۸۷٪Bootstrap حمایت می‌شود و گونهٔ مورد مطالعه با ۷۱٪ حمایت Bootstrap گونهٔ خواهری *Pteria loveni* است و با *Pteria hirundo* و *Pteria sterna* با ۵۰٪ حمایت Bootstrap تک‌نیایی دارد.

۴. بحث و نتیجه‌گیری

طبقه‌بندی اویسترهای مرواریدساز بر اساس شکل پوسته و رنگ آن‌هاست (Hertleinand Cox, 1969; Oliver, 1992)، که عمدتاً تحت تأثیر فاکتورهای محیطی و تفاوت بین زیستگاه‌ها قرار دارد (Hollander, 2008). *Pteria* در زبان یونانی به معنی بال است که با توجه به شکل صدف این نام را به آن‌ها نسبت داده‌اند. اعضای این جنس به‌منزلهٔ اویسترهای بالدار شناخته شده‌اند (Ashja ardalan, 1994). شناسایی گونه‌ها مخصوصاً در مرحلهٔ پیش از بلوغ دشوار است چون پوسته تقریبی است و کامل نیست (Wada and Temkin, 2008) و بررسی‌های مولکولی و روابط شجره‌شناسی در گروه‌هایی که شناسایی بر اساس ریخت‌شناسی آن‌ها دشوار است کاملاً مفید است (Wahleberg et al., 2005).

اویسترهای مرواریدساز متعلق به بالاخانوادهٔ Pterioidea در زیردهٔ دوکفه‌ای Pteriomorphia قرار دارند. علاوه بر Pteriidae (شامل صدف مرواریدساز جنس *Pteria* و *Pinctada*) Pterioidea شامل خانواده‌های Isognomonidae، Malleidae و Pulvinitidae است که با شکل پوسته و ساختار لیگامنت متمایز می‌شوند. همهٔ مطالعات شجره‌شناسی حاکی از تک‌نیایی بودن بالاخانوادهٔ Pterioidea است، اما بیشترین سؤال مربوط به نزدیک‌ترین ارتباط گروه (تاکسون خواهر) است که هنوز هم در مورد Ostreidae و Pinnidae بحث مطرح است (Tëmkin, 2006).

مطالعات شجره‌شناسی در تحقیق حاضر نشان داد که بالاخانوادهٔ Pterioidea تک‌نیاست، که موافق با مطالعات قبلی مبنی بر آناتومی (Temkin, 2006) و شواهد مولکولی (Matsumoto, 2003) است. روابط تکاملی Pterioidea از آنالیز شجره‌شناسی مولکولی (Steiner and Hammer, 2000; Giribet and Distel, 2003; Matsumoto, 2003)، ریخت‌شناسی (Temkin, 2006) و بررسی‌های ترکیبی بر اساس شجره‌شناسی و مورفولوژی (Tëmkin, 2004) قابل استنتاج است، حالت تک‌نیایی برای بالاخانواده نشان می‌دهد که سه خانواده از جمله Pteriidae چندشجره‌ای (polyphyletic) هستند (Tëmkin, 2006).

تجزیه و تحلیل داده‌های ریخت‌شناسی به‌تنهایی تک‌نیایی بودن همهٔ جنس‌های pteriid را تأیید می‌کند و رابطهٔ خواهری گونه‌های *Pteria* و *Pinctada* را نشان می‌دهد که به نوبهٔ خود، گروهی خواهر و کلادی متشکل از گونه‌های *Electroma*، *Vulsella* و *Crenatula* (isognomonid) هستند (Steiner and Hammer, 2000).

آنالیزهای مولکولی بر اساس قطعه‌ای از ژن میتوکندریایی *COI* حضور دو گروه تک‌نیای اصلی جنس‌های *Pteria* و *Pinctada* را نشان می‌دهد (شکل ۲). این دو جنس از نظر اندازه و حضور داشتن یا نداشتن دندان لولا با هم تفاوت دارند. وجود این دو کلاد و هم‌بستگی قوی بین ریخت‌شناسی و شجره‌شناسی ممکن است نتیجهٔ رانش تصادفی و یا واگرایی (انشعاب) خصوصیت اولیه ناشی از انتخاب طبیعی باشد. دو فرآیند تکاملی ناشی از انتخاب طبیعی، برای مثال جابه‌جایی خصوصیات و طبقه‌بندی اندازه (Radtkey et al., 1997)، ممکن است نقش مهمی در واگرایی مشاهده‌شده داشته باشد. این مطالعه نشان داد که گونه‌های جنس *Pteria* ارتباط نزدیکی با گونه‌های جنس *Pinctada* دارند. درخت رسم‌شدهٔ مطالعهٔ حاضر رابطه‌ای را میان جنس *Pteria* و *Pinctada* نشان می‌دهد و *Pteria* رابطهٔ خواهری با *Pinctada* دارد. طول شاخهٔ *Pinctada* طویل‌تر از طول شاخهٔ *Pteria*است که نشان‌دهندهٔ واگرایی بیشتر *Pinctada* و پایه بودن جنس *Pteria* نسبت به جنس *Pinctada* است. گونهٔ مورد نظر با ۷۱٪ حمایت Bootstrap کلاد خواهری با *Pteria loveni* دارد و با حمایت ۸۷٪ Bootstrap در جنس *Pteria* قرار گرفته است (شکل ۲). طول شاخهٔ گونهٔ مورد نظر کوتاه‌تر از طول شاخهٔ *Pteria loveni* است که می‌توان گفت این گونه به‌منزلهٔ جد *Pteria loveni* است.

مطالعات انجام‌شده در ایران در مورد دوکفه‌ای‌ها بیشتر مربوط به ریخت‌شناسی و بررسی کاربرد آن‌ها در فیلتراسیون ترکیبات آب با توجه به خاصیت فیلترکنندگی آن‌ها بوده است و مطالعهٔ مولکولی بسیار اندکی و تنها در مورد جمعیت صدف خوراکی *Saccostrea cucullata* در خلیج فارس و دریای عمان صورت گرفته است. در مورد گونه‌های جنس *Pteria* فقط گزارش‌های ریخت‌شناسی *Pteria marmorata* که تفاوتش با گونهٔ مورد مطالعه در نوارهای سبزرنگ پوسته است (Ashja ardalan, 1994)، *Pteria peasei* که از نظر اندازه کوچک‌تر از نمونهٔ مورد مطالعه در این تحقیق است و دارای سطح خارجی به رنگ ارغوانی- قهوه‌ای به همراه نوارهای شعاعی سفید تا کرمی است (Ashja ardalan, 1994)، *Pteria penguin* که از نمونهٔ مورد مطالعه کوچک‌تر است و دارای خطوط سبز تیرهٔ خاکستری است (Hossein Zade Sahafi et al., 2000) و *Pteria macroptera* که سطح صدف به رنگ قهوه‌ای مایل به زرد دارد و دارای شعاع‌های سفیدی است که از تارک شروع می‌شود، از آب‌های دریای عمان و خلیج فارس در دست است (Tajali pour, 1994). گونهٔ حاضر در این تحقیق با ویژگی‌های زیر است: خط لولای مستقیم، بال پیشین کوتاه و بال پسین بسیار بلندتر، صدف زاویه‌دار و محدب، رنگ سطح خارجی ارغوانی- قهوه‌ای همراه با نوارهای زرد و طلایی، سطح داخلی با جلای صدفی در زمینه‌ای آبی متمایل به بنفش، کفهٔ راست کوچک‌تر و تخت‌تر از کفهٔ چپ، برجستگی دندان‌مانند پیشین در کفهٔ چپ که کوچک است؛ این برجستگی در فرورفتگی کفهٔ راست قرار می‌گیرد و از نظر ریخت‌شناسی شبیه به هیچ‌یک از این گونه‌ها نیست.

اویسترهای مرواریدساز دوکفه‌ای‌های ساکنی‌اند؛ بنابراین طبیعتاً فلزات و آلوده‌کننده‌های شیمیایی را در بافت نرمشان انباشته می‌کنند و به‌منزلهٔ

تجمع‌کننده‌های زیستی و شاخصی زیستی برای آلودگی و ارزیابی کیفیت آب دریا محسوب می‌شوند. علاوه بر این، صدف مرواریدساز نقش مهمی در ترویج و ارتقای تنوع زیستی اکوسیستم‌های دریایی، به‌منزلهٔ بستری برای چسبیدن موجودات زنده (بی‌مهرگان و غیره) و چسبیدن لاروها، دارد (Benzie and Smith-Keune, 2006; Benzie et al., 2003) که در مطالعهٔ حاضر وجود بارناکل‌ها و کرم‌ها و ستاره‌های شکننده شاهدی بر این ادعاست.

تقدیر و تشکر

در پایان، از آقای زاده‌عباس کارشناس محترم آزمایشگاه دانشگاه دریانوردی و علوم دریایی چابهار و خانم ساناز استکانی که غواصی و نمونه‌برداری این پروژه را انجام دادند بابت همکاری صمیمانه‌شان تقدیر و تشکر می‌کنیم.

References

[1]. Adamkewicz, S. L., Harasewych, M. G., Blake, J., Saudek, D., & Bult, C. J. (1997). A molecular phylogeny of the bivalve mollusks. *Mol.Biol. Evol. 14*, 619–629.

[2]. Ashja ardalan, A. (1994). Identification and evaluation of bivalve distribution of Chabahar Bay tidal zone and the surrounding coasts. 183.

[3]. Beer, A. C., & Southgate, P. C. (2000). Collection of pearl oyster (family Pteriidae) spat at Orpheus Island Great Barrier Reef (Australia). *Journal of Shellfish Research 19*, 821-826.

[4]. Benzie, J. H., & Smith-Keune, C. (2006). Microsatellite variation in Australian and Indonesian pearl oyster Pinctada maxima populations. *Marine Ecology Progress Series*, 197-211.

[5]. Benzie, J. H., Smith, C., & Sugama, K. (2003). Mitochondrial DNA reveals genetic differentiation between Australian and Indonesian pearl oyster Pinctada maxima (Jameson 1901) populations. *Journal of Shellfish Research 22*, 781-787.

[6]. Campbell, D. C. (2000). Molecular evidence on the evolution of the Bivalvia. *The Evolutionary Biology of the Bivalvia, vol. 177*, 31–46.

[7]. Canapa, A., Barucca, M., Marinelli, A., & Olmo, E. (2000). Molecular data from the 16S rRNA gene for the phylogeny of Pectinidae (Mollusca: Bivalvia). *J. Mol. Evol. 50*, 93–97.

[8]. Canapa, A., Marota, I., Rollo, F., & Olmo, E. (1996). Phylogenetic analysis of Veneridae (Bivalvia): comparison of molecular and palaeontological data. *J. Mol. Evol. 43*, 517–522.

[9]. Canapa, A., Marota, I., Rollo, F., & Olmo, E. (1999). The small-subunit rRNA gene sequences of venerids and the phylogeny of Bivalvia. *J. Mol. Evol. 48*, 463–468.

[10]. Cullings, K. W. (1992). Design and testing of a plant-specific PCR primer for ecological and evilutionary studies. *molecular ecology*, 233-240.

[11]. Distel, D. L. (2000). Phylogenetic relationships among Mytilidae (Bivalvia):18S rRNA data suggest convergence in Mytilid body plans. *Mol. Phylogenet. Evol. 15*, 25–33.

[12]. Dolye, J. J., & Dickson, E. E. (1987). Preservation of plant samples for DNA restriction endonuclease analysis. *Taxon*, 715-722.

[13]. Dolye, J. J., & Dolye, J. L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemistry bulletin*, 11-15.

[14]. Farell, S., Arizmendi, E., McLaurin, D., & Nava, M. (1998). "Perlas de Guaymas": An update on the first commercial marine pearl farm on the American continent, 'Aquaculture '98' Book of Abstracts. *World Aquaculture Society*, 171.

[15]. Foighil, D. O., & Taylor, D. J. (2000). Evolution of parental care and ovulation behavior in oysters. Mol. Phylogenet. *Evol. 15*, 301–313.

[16]. Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome coxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 294-299.

[17]. Frischer, M. E., Williams, J., & Kenchington, E. (1998). A molecular phylogeny of some major groups of Pectinidae inferred from 18S rRNA gene sequences. *University of Calgary Press*, 213–221.

[18]. Giribet, G. (2008). *Phylogeny and Evolution of the Mollusca.* London: University of California Press.

[19]. Giribet, G., & Distel, D. L. (2003). *Bivalve phylogeny and molecular data*. Washington: Smithsonian Books.

[20]. Giribet, G., & Wheeler, W. (2002). On bivalve phylogeny: a high-level analysis of the Bivalvia (Mollusca) based on combined morphology and DNA sequence data. *Invert. Biol. 121*, 271–324.

[21]. Gray, J. E. (1847). List of the genera of Recent Mollusca, their synonyma and types. *The Proceedings of the Zoological Society of London for 1847[15](178)*, 129–219.

[22]. Harper, E. M., Dreyer, H., & Steiner, G. (2006). Reconstructing the Anomalodesmata (Mollusca: Bivalvia): morphology and molecules. *Zool. J. Linn. Soc. 148*, 395–420.

[23]. Hertlein, L. G., & Cox, L. R. (1969). *Treatise on invertebrate paleontology*. Lawrence Kansas: Geological Society of America and University of Kansas.

[24]. Hollander, J. (2008). Testing the grain-size model for the evolution of phenotypic plasticity. *Evolution*, 1381-1389.

[25]. Hossein zade sahafi, H., Daghoughi, B., & Rameshi, H. (2000). *Molluscs atlas of Persian Gulf*. tehran: Iranian Fisheries Research Institute.

[26]. Jacobs, H. T., Balfe, P., Cohen, B. L., Farguharson, A., & Comito, L. (1988). Phylogenetic implications of genome rearrangement and sequence evolution in echinoderm mitochondrial DNA. *Echinoderm Phylogeny and Evolutionary Biology*, 121–137.

[27]. Kocher, T. E., Thomas, W. K., Meyer, A., Edwards, S. V., Pabbo, S., Villablanca, F. X., et al. (1989). Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86*, 6196–6200.

[28]. Matsumoto,, M. (2003). Phylogenetic analysis of the subclass Pteriomorphia (Bivalvia) from mtDNA COI sequences. *Mol. Phylogenet. Evol. 27*, 429–440.

[29]. Mikkelsen, P. M., Bieler, R., Kappner, I., & Rawlings, T. A. (2006). Phylogeny of veneroidea (Mollusca: Bivalvia) based on morphology and molecules. *Zool. J. Linn. Soc. 148*, 439–521.

[30]. Millard, V. (2001). *Classification of Mollusca: A Classification of World Wide Mollusca*. South Africa: Printed by the author.

[31]. OLIVER, P. G. (1992). *Bivalved seashells of the Red Sea*. Wiesbaden and Cardiff: Hemmen and National Museum of Wales.

[32]. Olu-Le Roy, K., von Cosel, R., Hourdez, S., Carney, S. L., & Jollivet, D. (2007). Amphi-Atlantic cold-seep Bathymodiolus species complexes across the equatorial belt. *Deep-Sea Res. Pt. I 54*, 1890–1911.

[33]. Palmer, T. J. (1984). Revision of the bivalve family Pulvinitidae Stephenson. *Palaeontology*, 815–824.

[34]. Radtkey, R. R., Fallon, S. M., & Case, T. J. (1997). Character displacement in some Cnemidophorus lizards revisited: A phylogenetic analysis. *PNAS, 94*, 9740-9745.

[35]. Shirai, S. (1994). *Pearls and Pearl Oysters of the world*. Okinawa: Marine Planning.

[36]. Stanley, S. M. (1968). Post-Paleozoic adaptive radiation of infaunal bivalve molluscs: a consequence of mantle fusion and siphon formation. *J. Paleontol*, 214–229.

[37]. Stanley, S. M. (1977). Trends, rates, and patterns of evolution in the Bivalvia. *Patterns of Evolution. Elsevier, Amsterdam*, 209–250.

[38]. Steiner, G., & Hammer, S. (2000). Bivalvia inferred from 18S rDNA sequences with particular reference to the Pteriomorphia. *The Evolutionary Biology of the Bivalvia*, *17*, 11-29.

[39]. Steiner, G., & Hammer, S. (2000). Molecular phylogeny of the Bivalvia inferred from 18S rDNANA sequences with particular reference to the Pteriomorphia. *Geological Society*, 494.

[40]. Steiner, G., & Muller, M. (1996). What can 18S rDNA do for bivalve phylogeny? *J. Mol. Evol. 43*, 58–70.

[41]. Tajali pour, M. (1994). *Further systematic study of molluscs Iranian coast of the Persian Gulf.* tehran: Publications Khabir.

[42]. Tëmkin, I. (2004). A new system for Pterioidea (Mollusca: Bivalvia). In: Wells, F.E., (Ed.), Molluscan megadiversity: Sea, Land and Freshwater. *Western*, 145.

[43]. Temkin, I. (2006). Anatomy, shell morphology,and microstructure of the living fossil Pulvinites exempla (Hedley, 1914) (Bivalvia: Pulvinitidae). *Zoological Journal of the Linnean Society* , 523–552.

[44]. Temkin, I. (2006). Morphological perspective on the classification and evolution of Recent Pterioidea (Mollusca: Bivalvia). *Zool. J. Linn. Soc. 148*, 253–312.

[45]. Tëmkin, I., Glaubrecht, M., & Köhler, F. (2009). Wilhelm Dunker, his collection, and pteriid systematics. *MALACOLOGIA*, 39−79.

[46]. Wada, K. T., & Temkin, I. (2008). *Taxonomy and Phylogeny.* Amsterdam: The Netherlands,Elsevier.

[47]. Wahlberg, N., Braby, M. F., Brower, A. Z., Jong, R., Lee, M., Nylin, S., et al. (2005). Synergistic effects of combining morphological and molecular data in resolving the phylogeny of butterflies and skippers. *Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences*, 1577-1586.

[48]. Winnepenninckx, B., Backeljau, T., & De Wachter, R. (1996). Investigation of molluscan phylogeny on the basis of 18S rRNA sequences. *Mol. Biol. Evol. 13*, 1306–1317.

[49]. Yu, X., & Wang, M. (2004). The farming of and pearl cultivating from wing oyster Pteria penguin in southern China. 'Aquaculture 2004' Book of Abstracts. *World Aquaculture Society*, 665.