



شناسایی مولکولی خرگوش دریایی خلیج فارس (*Aplysia* sp.) بر اساس توالی ژن 16s rRNA

پروا دهقانی (MSc)^{۱*}، حسین ذولقرنین (PhD)^{۱**}، ایرج نبی پور (MD)^۲، سهیلا مطرودی (PhD)^۱،
محسن محمدی (PhD)^۲

^۱ گروه زیست دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، خرمشهر، ایران

^۲ مرکز تحقیقات زیست فناوری دریایی خلیج فارس، پژوهشکده علوم زیست پزشکی خلیج فارس، دانشگاه علوم پزشکی بوشهر، بوشهر، ایران

(دریافت مقاله: ۹۹/۹/۲۰ - پذیرش مقاله: ۹۹/۱۰/۱۶)

چکیده

هدف: خرگوش‌های دریایی جنس *Aplysia* از جمله نرم‌تنان مورد توجه محققان مختلف برای بررسی فیلوژنی، ترکیبات شیمیایی زیست فعال و دستگاه عصبی هستند. این نرم‌تنان رژیم غذایی گیاهخواری دارند و به منظور دفاع از خود، ترکیبات شیمیایی (مکب) تولید می‌کنند. تحقیق حاضر به شناسایی مولکولی خرگوش دریایی خلیج فارس (شهرستان بوشهر) با استفاده از توالی ژن 16s rRNA پرداخته است.

مواد و روش‌ها: نمونه‌برداری از سواحل شهرستان بوشهر صورت گرفت. DNA کل با روش CTAB استخراج شد و DNA هدف با پرایمرهای یونیورسال 16sar-L و 16sbr-H تکثیر گشت. برای تحلیل‌های فیلوژنی از دو روش بیشینه درست‌نمایی و Bayesian (به ترتیب با نرم‌افزارهای RAxML و Mr Bayes) استفاده شد. برای الگوریتم ML، ۱۰۰۰ تکرار بوت استرپ تولید شد. در روش Bayesian نیز برنامه برای ۲۰ میلیون نسل اجرا و برای هر ۱۰۰۰ نسل یک درخت نمونه‌برداری شد.

یافته‌ها: بر اساس درخت حاصل از روش Maximum Likelihood، خرگوش دریایی خلیج فارس و *Aplysia dactylomela* با ۸۷ درصد بوت استرپ و احتمال پسین بالا (PP=۱) در یک کلاد قرار گرفتند. درخت فیلوژنی به دست آمده از روش Bayesian نیز توپولوژی مشابهی نشان داد و در این روش نیز گونه خلیج فارس با ۹۵/۸ درصد بوت استرپ و احتمال پسین ۱ در گروه خواهری *A. dactylomela* حمایت شد.

نتیجه‌گیری: نتایج حاصل از آنالیز مولکولی توالی ژن 16S rRNA نشان دهنده وجود یک گونه احتمالاً جدید از خرگوش‌های دریایی در منطقه خلیج فارس است، اما به منظور گزارش قطعی موقعیت گونه حاضر، انجام آنالیزهای فیلوژنی با استفاده از ژن COI و همچنین ویژگی‌های مورفولوژیک گونه لازم است.

واژگان کلیدی: خرگوش دریایی، *Aplysia*، خلیج فارس، فیلوژنی مولکولی، 16s rRNA

** خرمشهر، گروه زیست دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، خرمشهر، ایران

مقدمه

خلیج فارس بخشی از منطقه هند-اقیانوس آرام بوده و از طریق تنگه هرمز به دریای عمان و اقیانوس هند متصل می‌گردد (۱). اقلیم گرمسیری، نوسانات بالای دمای آب در طول سال، نرخ بالای تبخیر در فصول گرم و تماس آبی محدود با دریاهاى آزاد سبب شده که استرس‌های شدیدی برای موجودات این منطقه وجود آید؛ انتظار می‌رود که این استرس‌ها منجر به گونه‌زایی گسترده‌ای در خلیج فارس شده باشند (۲). یکی از موجودات جالب دریایی از لحاظ فیلوژنی، خرگوش دریایی خلیج فارس می‌باشد.

خرگوش‌های دریایی جنس *Aplysia* (شکم‌پایان: اپیستورانش‌ها) گروهی از شکم‌پایان بدون صدف با سایز بدن نسبتاً بزرگ در مقایسه با سایر نرم‌تنان هستند. همانند اپیستورانش‌ها، خرگوش‌های دریایی مرحله لاروی پلانکتونی دارند، اما در زمان بلوغ صرفاً توانایی‌های محدود خزیدن و شنا کردن دارند (۳). خرگوش‌های دریایی در مناطق ساحلی آب‌های گرمسیری و نیمه‌گرمسیری سراسر جهان زندگی می‌کنند. این جانوران گیاهخوارانی همافروdit هستند که اکثراً از ماکرو جلبک‌ها تغذیه می‌کنند، اما در برخی از موارد از کلنی‌های سیانوباکتر نیز تغذیه دارند. معمولاً در فاصله بین بهار و پاییز تخم‌گذاری کرده و توده‌های تخم را بر روی سطوح سنگی و جلبکی می‌گذارند (۴). خرگوش‌های دریایی دو ویژگی قابل توجه دارند که موضوع تحقیقات زیادی بوده اند. اول، خرگوش‌های دریایی یک دستگاه عصبی منحصر به فرد دارند. این موجودات نورون‌های بزرگی داشته (محدوده اندازه: ۰/۱-۱ میلی‌متر) که انجام مطالعات سلولی بر روی برخی از رفتارهای فردی همچون حافظه، یادگیری و همچنین بررسی مسیرهای سیناپسی را ممکن می‌کند

(۵). دوم، از آنجا که خرگوش‌های دریایی فاقد صدف خارجی هستند، از مکانیسم‌های دفاعی مختلفی همچون دفاع شیمیایی (با تجمع سموم از رژیم غذایی یا سنتز ترکیبات سمی جدید) یا استتار استفاده می‌کنند (۶). مطالعات متعددی بر روی مرکب تولید شده توسط خرگوش‌های دریایی صورت گرفته و مشخص شده که ترکیبات زیست فعال متعددی با خواص دارویی در مرکب وجود دارند (۷-۱۱). با این وجود، قبل از ارائه هرگونه گزارش علمی در مورد یک گونه خاص، لازم است موقعیت تاکسونومیک آن گونه به‌طور دقیق مشخص شود.

از مارکرهای مولکولی مانند DNA میتوکندریایی (mtDNA) به‌طور گسترده برای طبقه‌بندی سیستماتیک خرگوش‌های دریایی استفاده شده است (۱۲-۱۳)، زیرا طبقه‌بندی سیستماتیک این موجودات تنها بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناختی (همچون شکل بدن، ساختار رادولا و زائده پنیس) به دلیل هموپلازی بالا کافی نیست (۱۴). این مارکرها شامل ژن‌های ریبوزومی (12S، 16S و ..) و ژن زیر واحد ۱ سیتوکروم اکسیداز (CO1) بوده از جمله ژن‌های شدیداً حفاظت شده در طول تکامل هستند.

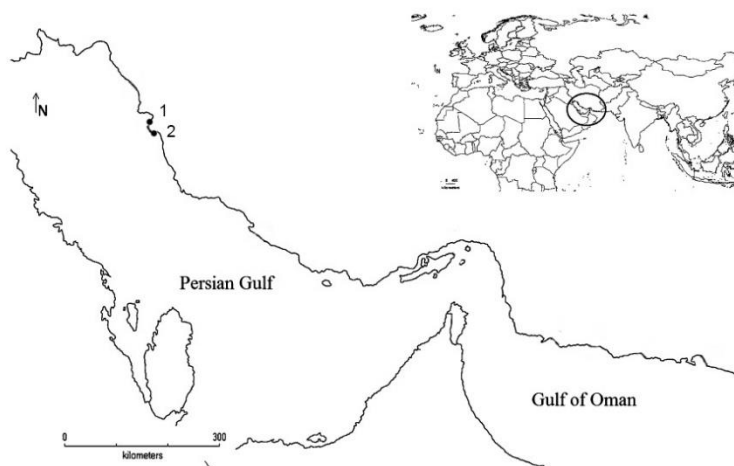
مدینا (Medina) و همکاران، مطالعات متفاوتی بر روی سیستماتیک مولکولی و روابط فیلوژنتیک میان خرگوش‌های دریایی در اطراف دنیا انجام داده‌اند (۳، ۱۳ و ۱۵). در مطالعه حاضر، از این مراجع برای بررسی موقعیت دقیق خرگوش دریایی خلیج فارس در درخت فیلوژنتیک خرگوش‌های دریایی استفاده گردید.

مواد و روش‌ها

نمونه برداری: نمونه برداری در اردیبهشت‌ماه و از عمق پنج متری اسکله جفره، شهرستان بوشهر، استان بوشهر

تشریح، نمونه‌ها به مدت ۵ دقیقه بر روی ظرف یخ قرار گرفته و بی‌حس شدند. برای استخراج DNA از بافت عضله پا استفاده شد و بافت‌ها در اتانول فیکس شدند. در نهایت نمونه‌های بافتی تا زمان انجام آزمایشات در فریز 20°C - نگهداری شدند.

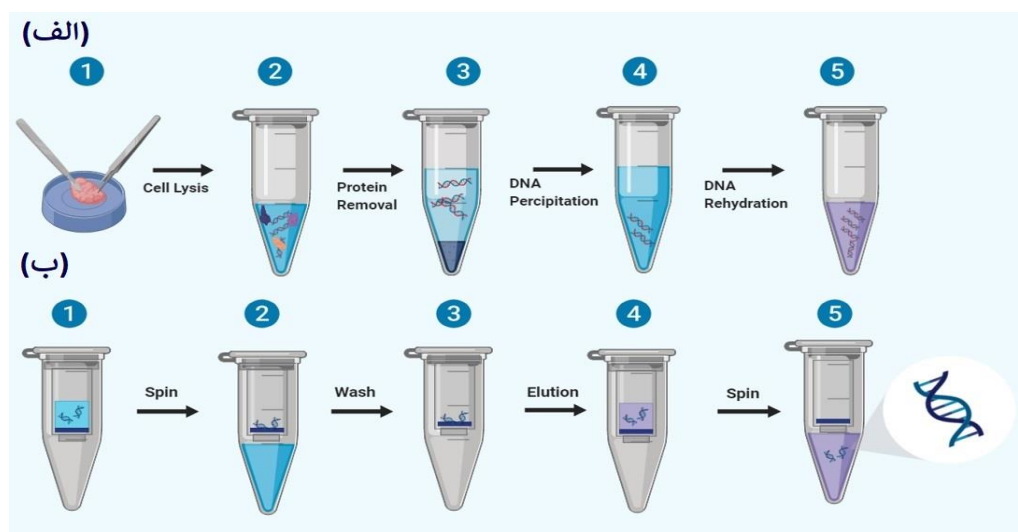
با طول جغرافیایی $43^{\circ} 82' 50^{\circ}$ شرقی و عرض جغرافیایی $18^{\circ} 97' 28^{\circ}$ شمالی صورت گرفت (شکل ۱، سایت ۱). نمونه‌های خرگوش دریایی جمع‌آوری و به آزمایشگاه بیوتکنولوژی پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه علوم پزشکی بوشهر منتقل شدند. قبل از



شکل ۱) نقشه محل نمونه‌برداری تهیه شده با نرم‌افزار Diva-GIS.
Fig 1) Map of sampling site, prepared with Diva-GIS.

سپس مخلوط به مدت ۹ دقیقه در دمای 4°C و سرعت 14000 rpm سانتریفوژ شد. سوپرناتانت حاصل به یک میکروتیوب جدید منتقل شده و به اندازه 0.7 از حجم آن ایزوپروپانول سرد اضافه شد. پس از گذشت ۱۵ دقیقه در فریزر 20°C -، نمونه به مدت ۱۰ دقیقه در دمای 4°C و سرعت 14000 rpm سانتریفوژ شد. پلت حاصل با $500\ \mu\text{l}$ اتانول ۷۰ درصد شستشو شد و تا زمان خشک شدن الکل، میکروتیوب بر روی یک کاغذ صافی استریل قرار گرفت. در نهایت $20\ \mu\text{l}$ بافر TE به میکروتیوب اضافه شد. بمنظور درک بهتر مراحل مختلف فرایند استخراج به شکل ۲ (الف) مراجعه شود.

استخراج DNA: برای استخراج DNA از روش CTAB استفاده شد (۱۶): ابتدا ۱۰۰ میلی‌گرم از بافت عضلانی با استفاده از یک تیغ اسکالپل استریل به قطعات ریز برش خورد و سپس $500\ \mu\text{l}$ بافر لیز ($2\ \mu\text{l}$ بتا-مرکاپتواتانول و $1\ \text{ml}$ بافر CTAB 10% درصد تریس بازی ۱ مولار، 28% درصد NaCl ۵ مولار، 4% درصد EDTA 0.5% مولار و 3% درصد محلول CTAB) به میکروتیوب اضافه شد. به منظور بهبود فرایند لیز سلول، $20\ \mu\text{l}$ آنزیم پروتیناز K به مخلوط اضافه و میکروتیوب به مدت یک شب در دمای 37°C (دمای بهینه برای فعالیت آنزیم) شیک شد. پس از هضم کامل بافت، $500\ \mu\text{l}$ کلروفرم/ایزوامیل الکل به میکروتیوب اضافه و به مدت ۱ دقیقه در دمای اتاق قرار داده شد.



شکل ۲) نمای شماتیک مراحل مختلف (الف) فرایند استخراج DNA با استفاده از CTAB؛ (ب) تخلیص DNA با استفاده از ستون
 Fig 2) Schematic view of different steps of (a) DNA extraction process using CTAB; (b) DNA purification using commercial columns

سنتز شده و به آزمایشگاه ارسال شدند.

| جدول ۱) لیست پرایمرهای مورد استفاده در تحقیق حاضر | |
|---|-------------------------------|
| نام پرایمر | توالی |
| 16sar-L | 5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3' |
| 16sbr-H | 5'-CCGGTCTGAACCTCAGATCACGT-3' |

تمام مراحل آماده‌سازی مخلوط واکنش به صورت استریل، زیر هود و بر روی ظرف یخ انجام شد تا فعالیت آنزیمی به حداقل ممکن برسد و از انجام واکنش ناخواسته جلوگیری شود. پس از آماده‌سازی مخلوط واکنش، میکروتیوب‌ها به دستگاه ترمال سایکلر منتقل و واکنش PCR با شرایط زیر انجام شد (جدول ۲).

| جدول ۲) مراحل مختلف واکنش PCR | |
|-------------------------------|---|
| مرحله | شرایط |
| واسرشته سازی اولیه | ۹۴ °C، ۲ دقیقه |
| واسرشته‌سازی، الحاق و بسط | ۳۰ چرخه: ۳۰ ثانیه، ۹۴ °C؛ ۳۰ ثانیه، ۷۲ °C و ۵۰؛ ۳۰ ثانیه، ۷۲ °C |
| بسط نهایی نهایی | ۷۲ °C، ۵ دقیقه |

به دلیل حضور مقادیر بالای رنگدانه و کربوهیدرات در بافت جانوران دریایی، محلول به دست آمده از ستون تخلیص DNA نیز عبور کرد تا میزان آلودگی بافتی به حداقل برسد. مراحل تخلیص DNA با استفاده از ستون مطابق دستورالعمل شرکت (Favorgen-FAGCK001) انجام شد و نمای شماتیک آن در شکل ۲ (ب) قابل مشاهده است. پس از پایان این مرحله، ۲ μ l از نمونه بر روی دستگاه نانودراپ (DeNovix-DS11FX) لود شد و نسبت جذب نوری در طول موج‌های ۲۶۰/۲۸۰ nm قرائت شد. میزان این نسبت نشانگر مناسبی برای بررسی آلودگی نمونه DNA به پروتئین است. لازم به ذکر است که تمامی مراحل در حالت استریل و زیر هود صورت گرفتند.

تکثیر قطعه ژنی با استفاده از PCR: به منظور تکثیر قطعه ژنی 16S rRNA از پرایمرهای مورد استفاده در مطالعه مدینا و والش (Walsh) (۱۳) استفاده شد (جدول ۱). توالی‌های پرایمر توسط شرکت پیشگام

است. جهت انجام آنالیزها، ابتدا کروماتوگرام‌های حاصل از تعیین توالی با استفاده از نرم‌افزار Bioedit (ویرایش ۷/۲) بررسی شدند و نقاط خطا، اصلاح یا حذف گردید. در مرحله بعدی، به منظور شناسایی اختلاف میان توالی‌ها، نمونه‌های ویرایش شده با نرم‌افزار Locarna (ویرایش ۱.۲.۹.۱) با سایر توالی‌های موجود در بانک ژنی (جدول ۳) هم‌ردیف شده و مدل ساختار ثانویه ی 16S آن ترسیم شد. بر اساس مطالعات صورت گرفته توسط مدینا و همکاران (۱۷) در این آنالیزها، گونه *Akera bullata* به عنوان برون‌گروه (گروهی مرجع برای شناسایی روابط خویشاوندی میان موجودات مونوفالیتیک) در نظر گرفته شد.

به منظور تأیید تکثیر قطعه ژنی مورد نظر، محصول واکنش بر روی ژل آگارز ۱ درصد لود شد. پس از حصول اطمینان از کیفیت محصول PCR، باند مورد نظر با استفاده از یک تیغ اسکالپل استریل از ژل جدا شده و برای استخراج بر روی ستون‌های استخراج DNA از ژل آگارز قرار گرفتند. در نهایت نمونه‌های مناسب برای توالی‌یابی به شرکت ماکروژن (کره جنوبی) ارسال و توالی‌های به دست آمده در بانک ژنی NCBI ثبت گردید.

آنالیزهای فیلوژنتیکی: در مطالعه حاضر از روش‌های بایزین (Bayesian) و بیشینه درست‌نمایی (Maximum Likelihood) برای تجزیه و تحلیل توالی‌ها استفاده شده

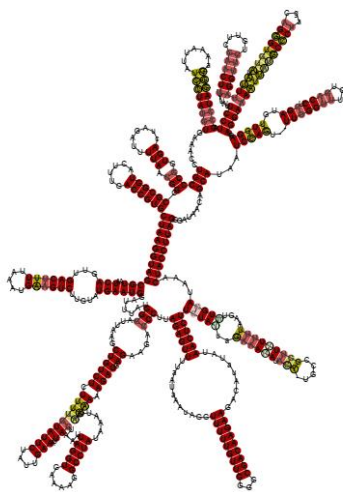
جدول ۳) نام گونه‌های مورد استفاده در آنالیزهای فیلوژنی، کد دسترسی به توالی ژنی آن‌ها و منابع ثبت کننده توالی‌ها در بانک ژنی NCBI

| منبع | Accession number (NCBI) | نام گونه |
|------|-------------------------|--------------------------|
| (۱۷) | AF192302.1 | <i>Aplysia oculifera</i> |
| | AF192301.1 | <i>A. morio</i> |
| | AF192300.1 | <i>A. kurodai</i> |
| | AF192299.1 | <i>A. gigantea</i> |
| | AF192298.1 | <i>A. fasciata</i> |
| | AF192297.1 | <i>A. dactylomela</i> |
| | AF192296.1 | <i>A. brasiliiana</i> |
| | AF192292.1 | <i>A. juliana</i> |
| (۱۳) | AF156127.1 | <i>Akera bullata</i> |

برنامه برای تجزیه و تحلیل فیلوژنی زنجیره مارکوف مونت کارلو (Markov Chain Monte Carlo) با سه زنجیره گرم و یک زنجیره سرد تنظیم شد، سپس برنامه برای ۲۰ میلیون نسل اجرا و برای هر ۱۰۰۰ نسل یک درخت نمونه‌برداری شد. پس از تکمیل آنالیز، ۲۵ درصد از درختان حاصل سوزانده شدند و درختان باقیمانده همراه با مقادیر حمایت شاخه‌ای (PP) برای مشاهده یک درخت اجمالی ۵۰ درصد به نرم‌افزار FeegTree (ویرایش ۴.۴.۱) انتقال داده شدند. برای آنالیز بیشینه درست‌نمایی (ML)، از نرم‌افزار

برای آنالیز فیلوژنی به روش Bayesian (BI)، از برنامه MrBayes ویرایش ۷.۲.۳ استفاده شد. تمرکز این روش بر مدل‌های تکاملی است و تمامی مکان‌های جانیشینی را بررسی می‌کند. بنابراین پیش از اجرای آنالیزها، با استفاده از نرم‌افزار MEGA6 و بر اساس معیار اطلاعاتی AIC (Akaike Information Criterion)، بهترین مدل تکاملی برای داده‌ی مورد نظر تعیین شد. طبق این آزمون، مدل T92 برای آنالیز داده مورد استفاده قرار گرفت. به منظور کسب توزیع مناسبی از احتمال پسین (Posterior Probability; PP)،

۴) و مقایسه توالی ژنی، هم‌ترازسازی و آنالیز تبارزایی گونه با هشت گونه خرگوش دریایی جنس *Aplysia* از بانک جهانی ژن صورت گرفت. آنالیز فیلوژنی با هر دو روش ML و BI نشان دهنده ۹۴ درصد پشتیبانی از احتمال پیشین و ۵۰ درصد پشتیبانی بوت استرپ برای بیشتر کلادهای پایه و مقادیر بالاتر در کلادهای اشتقاقی بود. همچنین توپولوژی درخت رسم شده در هر دو روش مشابه با یکدیگر و نشان دهنده مونوفایلیتی بودن جنس *Aplysia* بود. مطابق درخت ترسیم شده، گونه‌ی خلیج فارس و *Aplysia dactylomela* با ۸۷ درصد بوت استرپ و احتمال پسین بالا ($PP=1$) در یک کلاد قرار گرفتند. درخت فیلوژنی به دست آمده از روش Bayesian نیز توپولوژی مشابهی با روش ML نشان داد و در این روش نیز گونه خلیج فارس با ۹۵/۸ درصد بوت استرپ و احتمال پسین ۱ در گروه خواهری *A. dactylomela* حمایت شد. گونه *Akera bullata* از خانواده *Akeridae* به عنوان برون‌گروه در نظر گرفته شد (شکل ۴).



شکل ۳) هم‌ترازسازی توالی‌های مورد مطالعه و ترسیم مدل ثانویه با استفاده از نرم‌افزار Locarna

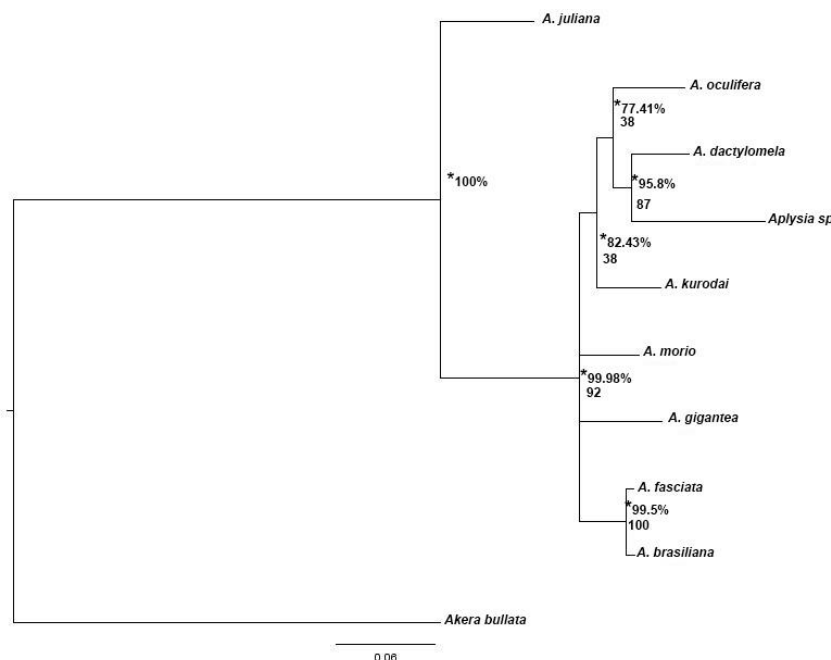
Fig 3) Aligning the sequences and plotting the secondary model using Locarna.

RAxML شد. اصولاً الگوریتم ML احتمال مورد نظر برای هر نوکلئوتید ممکن در گره‌های اجدادی را محاسبه می‌کند و درست‌نمایی ساختار درخت را از این احتمالات به دست می‌آورد. درست‌نمایی همه توپولوژی‌های قابل قبول در این روش بررسی می‌شود و محتمل‌ترین درخت به‌عنوان بهترین درخت انتخاب می‌شود. برای انجام این آنالیز پس از انتخاب بهترین مدل تکاملی، از گزینه *rapid bootstrapping* استفاده شد و ۱۰۰۰ تکرار بوت استرپ تولید شد. پس از پایان آنالیز درخت ML دارای بیشترین امتیاز انتخاب و مقادیر بوت استرپ گنجانده شد. خروجی نرم‌افزار با استفاده از نرم‌افزار FeegTree (ویرایش ۴.۴.۱) مشاهده شد.

یافته‌ها

بررسی کمیت و کیفیت DNA استخراجی نشان داد که در طول فرایند ۳۱۴/۹۵ نانوگرم/میلی‌لیتر DNA استخراج شده است، نسبت A260/280 nm نیز برابر ۱/۷۸ بود که گویای کیفیت بالای نمونه است. بانده تشکیل شده بر روی ژل آگارز ۱ درصد نیز نشان دهنده تشکیل یک بانده واضح بر روی ژل بود که کیفیت نمونه و عدم وجود آلودگی پروتئینی را تأیید کرد. بررسی محصول PCR تشکیل بانده با طول تقریبی ۵۲۰ bps را نشان داد که تکثیر صحیح قطعه را تأیید کرد. پس از تعیین توالی نمونه توسط شرکت، ترادف نوکلئوتیدی با شماره MW419903 در بانک ژنی ثبت گردید.

پس از هم‌تراز شدن توالی‌ها با نرم‌افزار Locarna و ترسیم مدل ساختاری 16S (شکل ۳)، درخت فیلوژنی خرگوش دریایی خلیج فارس که به صورت *Aplysia* sp. نامگذاری شده با روش Maximum Likelihood (ML) ترسیم شد (شکل



شکل ۴) درخت فیلوژنی ترسیم شده برای نمونه‌های مورد بررسی. در این درخت گونه‌ی خرگوش دریایی خلیج فارس به صورت *Aplysia sp.* نشان داده شده است. اعدادی که با * مشخص شده‌اند، نشان دهنده‌ی ساپورت‌های مدل Bayesian و اعداد بدون * نشانگر ساپورت‌های مدل ML هستند.

Fig 4) The phylogeny tree drawn for studied species. In this tree, the Persian Gulf's sea hare is shown as *Aplysia sp.*. Numbers marked with * indicate Bayesian model supports and others indicate the ML model supports.

(Mikkelsen) (۲۰) نیز شواهدی از هموپلازی

ریخت‌شناسی با تمرکز بر روابط میان Cephalaspidea اولیه ارائه دادند. مثال‌هایی از صفاتی که چندین بار به صورت مستقل کوچک شده یا از میان رفته‌اند شامل صدف، اپرکولوم، تیندیوم، رادولا و صفحات جونده است. پدیده Eutyneury (یا عدم پیچ‌خوردگی طناب‌های عصبی جانبی) چندین بار از اجداد streptoneurous (یا پیچ خورده) در نتیجه‌ی دتورژن مشتق شده و جدیدترین مورد آن Anaspidea از استرپتونوران اولیه به نام *Akera* است (۱۸ و ۱۹). بنابراین، تاکسونومیست‌های سنتی اپیستورانش‌ها با صفات هموپلاستی بسیاری مواجهند که تفسیرشان برای بررسی فیلوژنتیک مشکل است.

بحث

پیشرفت‌های اخیر در حوزه سیستماتیک که به بررسی تاریخیجه‌ی تکاملی صفات مورد مطالعه می‌پردازند (مانند شرایط اجدادی در مقایسه با شرایط اشتقاقی)، امکان آنالیزهای فیلوژنتیک دقیقی را فراهم نموده‌اند. در برخی موارد، ویژگی‌های ریخت‌شناختی که به طور سنتی برای طبقه‌بندی استفاده می‌شوند از اهمیتی سؤال برانگیز برای بررسی فیلوژنی برخوردارند زیرا این صفات همولوگ نیستند و در نتیجه سبب بروز ابهاماتی در روابط فیلوژنتیک در میان تاکسون‌ها خواهند شد (۲۰-۱۸). گوسلینر (Gosliner) (۱۹) شواهد جامعی از هموپلازی برای کل زیر رده بر اساس کاهش اندازه یا از بین رفتن ویژگی‌ها ارائه داد، و میکلسن

ویژگی بدون در نظر گرفتن شرایط اجدادی یا اشتقاقی صورت گرفته است. دو روش مشهور طبقه‌بندی تاکسونومیک این راسته به شرح زیر است: در یک طبقه‌بندی، *Anaspidea* از یک خانواده به نام *Aplysiidae* با پنج زیرخانواده تشکیل شده است. در طبقه‌بندی دیگر، بر اساس طول لوپ احشایی، جنس‌های مختلفی در دو زیرراسته با یک خانواده برای هر زیرراسته قرار گرفته است (۲۱ و ۲۲) (جدول ۴).

Anaspidea یکی از کوچک‌ترین راسته‌های *Opisthobranch* هستند. با این حال، این گروه از نرم‌تنانی تشکیل شده‌اند که نه تنها برای تاکسونومیست‌ها بلکه برای دانشمندان فعال در سایر حوضه‌های زیست‌شناسی از جمله فیزیولوژی، اکولوژی و رفتارشناسی قابل توجه هستند (۱۳). این راسته به صورت سنتی از ۹ یا ۱۰ جنس تشکیل شده، اما روابط میان این جنس‌ها نامشخص بوده است. طبقه‌بندی‌های تاکسونومیک فعلی برای *Anaspidea* بر اساس چندین

| جدول ۴) طبقه‌بندی راسته <i>Anaspidea</i> بر اساس دو روش پیشنهادی توسط <i>Eales</i> (۲۱) و <i>Marcus</i> (۲۲) | | |
|--|---|---------------------|
| Family <i>Akeridae</i> | <i>Akera</i> | <i>Eales</i> (1994) |
| Family <i>Aplysiidae</i> | <i>Aplysia</i> Linnaeus 1767 | |
| Subfamily <i>Aplysiinae</i> | <i>Syphonota</i> Adams & Reeve | |
| Subfamily <i>Dolabellinae</i> | <i>Dolabella</i> Lamarck 1801 | |
| Subfamily <i>Notharchinae</i> | <i>Notarchus</i> Cuvier 1817 <i>Stylocheilus</i> Gould 1852 <i>Bursatella</i> Blainville 1817 | |
| Subfamily <i>Dolabriferinae</i> | <i>Dolabrifera</i> Gray 1847 <i>Petalifera</i> Gray 1847 <i>Phyllaplysia</i> P. Fischer 1872 | |
| Suborder Longicommissurata | <i>Aplysia</i> | |
| Family <i>Aplysiidae</i> | <i>Syphonota</i> | |
| Subfamily <i>Aplysiinae</i> | <i>Dolabella</i> | |
| Subfamily <i>Dolabellinae</i> | <i>Notarchus</i> | |
| Suborder Brevicommissurata | <i>Stylocheilus</i> | |
| Family <i>Notharchidae</i> | <i>Burstella</i> | |
| Subfamily <i>Notharchinae</i> | <i>Dolabrifera</i> | |
| Subfamily <i>Dolabriferinae</i> | <i>Petalifera</i> | |
| | <i>Phyllaplysia</i> | |

در راسته‌ی *Anaspidea* قرار گیرد، زیرا به نظر می‌رسد حد واسط میان اجداد سفالاسپیدی و سایر خرگوش‌های دریایی است. حامیان قرار گرفتن *Akera* در *Anaspidea* چندین خصوصیت مشترک سیناپتومورفیک میان *Akera* و *Anaspidea* از جمله سیستم تولیدمثلی، غدد دفاعی، رادولا و سیستم عصبی مرکزی را پیشنهاد می‌دهند (۱۹). در نهایت بر اساس مطالعاتی که مدینا و والش (Walsh) (۱۳) بر روی سیستماتیک مولکولی راسته‌ی *Anaspidea* بر اساس

همانطور که در جدول مشاهده می‌شود، جایگاه خانواده *Akeridae* به دلیل ظاهر استریپتونوری و سایر ویژگی‌های پلیزیومورفیک بحث برانگیز است. برخی از محققان *Akera* را بر اساس وجود یک پوسته‌ی سفالی غیرتتاکولی، صدف خارجی بزرگ و پاراپودیای آزاد در *Cephalaspidea* قرار می‌دهند. این ویژگی‌ها با *Anaspidea* مقایسه می‌گردد که تتاکل، رینوفور و همچنین درجاتی از ادغام پاراپودیا دارند (۲۲ و ۲۳). محققان دیگر پیشنهاد کرده‌اند که بهتر است *Akeridae*

توالی DNA میتوکندریایی (12S، 16S و COI) انجام دادند، مشخص شد که جنس *Akera* در راسته‌ی *Anaspidea* قرار می‌گیرد و باید در برخی از ویژگی‌های مورفولوژیک (مانند صدف، ادغام پاراپودیا) که قبلاً برای طبقه‌بندی خرگوش‌های دریایی استفاده می‌شد، تجدید نظر گردد. همچنین این محققان عنوان کردند که در بررسی درخت تبارشناسی خرگوش‌های دریایی جنس *Aplysia* می‌توان از *Akera* به عنوان برون‌گروه استفاده کرد.

به دلیل سطوح بالای هموپلازی مورفولوژیک و تمایل به کاهش بسیاری از صفاتی که قبلاً توسط تاکسونومیست‌های نرم‌تنان مورد استفاده قرار می‌گرفت، باید از ویژگی‌های دیگری برای حل روابط فیلوژنتیک در کلاد اوپیستوبرانش استفاده کرد. مارکرهای مولکولی ابزار مناسبی برای این هدف هستند، زیرا حاوی ویژگی‌های فراوانی هستند که می‌توانند در آنالیز فیلوژنی مورد استفاده قرار بگیرند (۲۴). گزینه‌های متعددی از مارکرهای مولکولی وجود دارند که در سطوح مختلف سیستماتیک مفید واقع می‌شوند. در این میان، ثابت شده که DNA میتوکندریایی (mtDNA) سیگنال‌های فیلوژنی را در سطوح مختلف تاکسونومی حمل می‌کند. DNA میتوکندریایی فقط از سمت مادر به ارث می‌رسد، فاقد هرگونه نوترکیبی است و نرخ بالاتر تکاملی نسبت به ژن‌های هسته‌ای در بسیاری از تاکسون‌ها نشان می‌دهد. شاید از همه مهم‌تر، mtDNA آرایه‌ای از ژن‌ها دارد که می‌تواند در سطوح مختلف فیلوژنی مفید باشد. این آرایه‌ها شامل ژن‌های ریبوزومی (12S و 16S) هستند و از جمله حفاظت شده‌ترین مناطق در ژنوم میتوکندریایی می‌باشند (۱۵). از آنجا که ژن‌های ریبوزومی میتوکندریایی با سرعت بیشتری نسبت به همولوگ‌های هسته‌ایشان تکامل

می‌یابند، از این ژن‌ها در درجه‌ی اول در سطوح پایینی تاکسونومی از سطح جنس تا جمعیت استفاده می‌شود (۲۵). مطالعات صورت گرفته بر روی روابط فیلوژنی جانوران مختلف نشان می‌دهد که مارکرهای rRNA میتوکندریایی برای واگرایی تا ۱۰۰ میلیون سال قابل اعتماد هستند. از آنجا که اولین فسیل‌های قابل اعتماد یافت شده از *Akera* به اواسط ژوراسیک (۱۶۵ میلیون سال پیش) برمی‌گردد، اما اولین گزارش از خرگوش‌های دریایی اولیه (*Aplysia* و *Dolabella*) متعلق به دوران میوسن (۲۵ میلیون سال پیش) بوده است، بنظر می‌رسد که مارکرهای ریبوزومی گزینه‌های مناسبی برای بررسی روابط فیلوژنتیک در این کلاد باشند (۱۳).

بنابراین با توجه به مطالعات انجام شده در زمینه سیستماتیک این نرم‌تنان، شناسایی خرگوش دریایی خلیج فارس بر اساس آنالیز فیلوژنتیک توالی 16S rRNA انجام و گونه *Akera bulata* نیز به عنوان برون‌گروه انتخاب شد. همچنین به منظور مقایسه بهتر توالی DNA میتوکندریایی گونه خلیج فارس با گونه‌های دیگر، از پرایمر یونیورسال مورد استفاده در مطالعه مدینا و همکاران (۱۷) برای تکثیر قطعه ژنی استفاده شد و در نهایت توالی بدست آمده با توالی‌های ثبت شده از آن مطالعه در بانک ژنی NCBI (جدول ۳) مقایسه گردید. نتایج حاصل از آنالیز درخت تکاملی ترسیم شده نشان داد که جنس *Aplysia* یک گروه مونوفایلیتیک را تشکیل می‌دهد و خرگوش دریایی خلیج فارس یک گونه‌ی مجزا از گونه‌های ثبت شده در بانک ژنی می‌باشد. این نتیجه با مطالعه صورت گرفته توسط مدینا و همکاران (۳) مطابقت دارد. این محققان به بررسی روابط فیلوژنتیک خرگوش‌های دریایی جنس *Aplysia* با استفاده از سه توالی DNA میتوکندریایی COI، 16S و 12S پرداختند و تأکید کردند که این

A. oculifera، *A. dactylomela* و گونه خلیج فارس شکل ظاهری مشابه این سه گونه است، البته لازم به ذکر است که خواستگاه هر گونه متفاوت بوده و تفاوت‌های مورفولوژیک جزئی نیز در میان این سه گونه قابل مشاهده است. ایلز (Eales) (۲۶) و گوسلینر (Gosliner) (۱۹) نیز بیان کرده‌اند که در بررسی‌های تاکسونومی اولیه برای دو گونه *A. dactylomela* و *A. oculifera* بر اساس ویژگی‌های مورفولوژی باید دقت کرد و به جزئیاتی همچون جنه و طرح‌های ظاهری بدن توجه نمود. بنابراین با توجه به موقعیت خاص این سه گونه در درخت فیلوژنی و همچنین شباهت ظاهری آن‌ها از نظر مورفولوژیک، احتمالاً ارسال نمونه به یک موزه جانورشناسی معتبر و بررسی آن توسط یک متخصص مورفولوژی خرگوش‌های دریایی کمک شایانی به تعیین جایگاه دقیق خرگوش دریایی خلیج فارس خواهد کرد.

نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از آنالیز مولکولی با استفاده از توالی ژن 16S rRNA نشان دهنده وجود یک گونه‌ی احتمالاً جدید از خرگوش‌های دریایی در منطقه خلیج فارس است. مطابق درخت ترسیم شده با روش Maximum Likelihood، گونه خلیج فارس و *Aplysia dactylomela* با ۸۷ درصد بوت استرپ و احتمال پسین بالا (PP=۱) در یک کلاد قرار گرفتند. درخت فیلوژنی به دست آمده از روش Bayesian نیز توپولوژی مشابهی با روش ML نشان داد و در این روش نیز گونه خلیج فارس با ۹۵/۸ درصد بوت استرپ و احتمال پسین ۱ در گروه خواهری *A. dactylomela* حمایت شد. همچنین توپولوژی درخت رسم شده در هر دو روش مشابه با یکدیگر و نشان دهنده مونوفایلیتیک بودن جنس *Aplysia* بود. اما به منظور

جنس از یک گروه مونوفایلیتیک تشکیل شده است. درخت فیلوژنی در این مطالعه با روش‌های Minimum Evolution، Maximum Likelihood و Maximum Parsimony ترسیم و همانند تحقیق حاضر از ۱۰۰۰ تکرار بوت استرپ تشکیل شده است. در مقایسه‌ای میان درخت ترسیم شده در تحقیق حاضر و تحقیق صورت گرفته توسط مدینا و همکاران (۳) می‌توان متوجه تفاوت‌هایی در جایگاه گونه‌های مختلف شد. به عنوان مثال، در مطالعه مدینا و همکاران (۳)، *A. dactylomela* و *A. oculifera* در یک کلاد قرار گرفته‌اند، در حالیکه در تحقیق حاضر، *A. dactylomela* در یک کلاد خواهری نسبت به *A. oculifera* قرار می‌گیرد. بر اساس نظر این محققان، علت این تفاوت را می‌توان در شیوه‌های مختلف هم‌ترازی توالی‌ها، استفاده از آنالیزهای فیلوژنی متفاوت و همچنین تعداد نسل‌های تعریف شده برای هر آنالیز جستجو کرد. البته می‌توان دلیل دیگر این تفاوت را وجود توالی مربوط به خرگوش دریایی خلیج فارس در آنالیز فیلوژنی تحقیق حاضر دانست، زیرا احتمالاً به دلیل نزدیکی بودن شباهت‌ها میان گونه خلیج فارس و *A. dactylomela*، این دو در یک کلاد و در مقایسه با *A. oculifera* در یک کلاد خواهری قرار می‌گیرند. مطالعه دیگری توسط والشید- لنگلینگ (Wollscheid-Lengeling) و همکاران (۱۲) نیز به بررسی فیلوژنی خرگوش‌های دریایی از جمله جنس *Aplysia* پرداخته است. نتایج این مطالعه نیز از مونوفایلیتیک بودن کلاد *Aplysia* پشتیبانی می‌کند اما با توجه به اینکه گونه‌های مورد بررسی در این مطالعه با گونه‌های تحقیق حاضر تفاوت دارند، امکان مقایسه وجود ندارد. یک نکته جالب توجه در مورد گونه‌های

جمع‌آوری نمونه و همچنین انجام مراحل مختلف آزمایشگاهی کمال تشکر را داریم.

گزارش قطعی موقعیت گونه حاضر، انجام آنالیزهای فیلوژنی با استفاده از ژن COI و همچنین بررسی مورفولوژیک گونه لازم است.

تضاد منابع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان بیان نشده است.

سپاس و قدردانی

از کارکنان پژوهشکده علوم زیست پزشکی خلیج فارس واقع در دانشگاه علوم پزشکی بوشهر بابت کمک به

References:

1. Azizpour J, Chegini V, Khosravi M, et al. Study Of The Physical Oceanographic Properties Of The Persian Gulf, Strait Of Hormuz And Gulf Of Oman Based On PG-GOOS CTD Measurements. *J Persian Gulf* 2014; 5(18): 37-48.
2. Coles SL. Coral Species Diversity And Environmental Factors In The Arabian Gulf And The Gulf Of Oman: A Comparison To The Indo-Pacific Region. *Atoll Res Bull* 2003; 507: 1-19.
3. Medina M, Collins T, Walsh PJ. Phylogeny Of Sea Hares In The *Aplysia* Clade Based On Mitochondrial DNA Sequence Data. *Bull Mar Sci* 2005; 76(3): 691-8.
4. Kamiya H, Sakai R, Jimbo M. Bioactive Molecules From Sea Hares. In: Cimino G, Gavagnin M, editors. *Molluscs. Progress In Molecular And Subcellular Biology*. Vol 43. Berlin, Heidenberg: Springer, 2006, 215-39.
5. Lovell P, Moroz LL. The Largest Growth Cones In The Animal Kingdom: An Illustrated Guide To The Dynamics Of *Aplysia* Neuronal Growth In Cell Culture. *Integr Comp Biol* 2006; 46(6): 847-70.
6. Kamio M, Grimes TV, Hutchins MH, et al. The Purple Pigment Aplysioviolet In Sea Hare Ink Deters Predatory Blue Crabs Through Their Chemical Senses. *Anim Behav* 2010; 80(1): 89-100.
7. Yang H, Johnson PM, Ko KC, et al. Cloning, Characterization And Expression Of Escaping, A Broadly Antimicrobial FAD-Binding L-Amino Acid Oxidase From Ink Of The Sea Hare *Aplysia Californica*. *J Exp Biol* 2005; 208: 3609-22.
8. Ko KC, Tai PC, Derby CD. Mechanisms Of Action Of Escapin, A Bactericidal Agent In The Ink Secretion Of The Sea Hare *Aplysia Californica*: Rapid And Long-Lasting DNA Condensation And Involvement Of The Oxyr-Regulated Oxidative Stress Pathway. *Antimicrob Agents Chemother* 2012; 56(4): 1725-34.
9. Tavares TC, Nogueira VL, Batista GL, et al. A Sea Hare L-Amino Acid Oxidase To Fight Multiple Antibiotic-Resistant *Staphylococcus aureus*. *J Microbiol Exp* 2017; 4(6): 00129.
10. Tavares TC, Nogueira VL, Vasconcelos IM, et al. Further Characterization And Mode Of Action Of Dactylomelin-P, An Antibacterial Protein Isolated From The Ink Of The Sea Hare *Aplysia Dactylomela* (Rang, 1828). *J Exp Mar Biol Ecol* 2011; 407(2): 200-6.
11. Zandi K, Farsangi MH, Nabipour I, et al. Isolation And Purification Of A Novel Anticancer 60 K Daltons Protein From The Persian Gulf Sea Hare, *Aplysia Dactylomela*. *Iran South Med J* 2004; 6(2): 97-103. (Persian)
12. Wollscheid-Lengeling E, Boore J, Brown W, et al. The Phylogeny Of Nudibranchia (Opisthobranchia, Gastropoda, Mollusca) Reconstructed By Three Molecular Markers. *Org Divers Evol* 2001; 1(4): 241-56.

13. Medina M, Walsh PJ. Molecular Systematics Of The Order Anaspidea Based On Mitochondrial DNA Sequence (12S, 16S, And COI). *Mol Phylogenet Evol* 2000; 15(1): 41-58.
14. Mikkelsen PM. The Evolutionary Relationships Of The Cephalaspidea SL (Gastropoda, Opisthobranchia) With An Analysis Of Traditional Cephalaspid Characters. *Boll Malacol* 1996; 29: 15-38.
15. Medina M, Lal S, Vallès Y, et al. Crawling Through Time: Transition Of Snails To Slugs Dating Back To The Paleozoic, Based On Mitochondrial Phylogenomics. *Mar Genomics* 2011; 4(1): 51-9.
16. Panova M, Aronsson H, Cameron RA, et al. DNA Extraction Protocols For Whole-Genome Sequencing In Marine Organisms. In: Bourlat S, editors. *Marine Genomics. Methods In Molecular Biology*. Vol 1452. New York: Humana Press, 2016, 13-44.
17. Medina M, Collins TM, Walsh PJ. mtDNA Ribosomal Gene Phylogeny Of Sea Hares In The Genus *Aplysia* (Gastropoda, Opisthobranchia, Anaspidea): Implications For Comparative Neurobiology. *Syst Biol* 2001; 50(5): 676-88.
18. Gosliner TM. Origins And Relationships Of Primitive Members Of The Opisthobranchia (Mollusca: Gastropoda). *Biol J Linn Soc* 1981; 16(3): 197-225.
19. Gosliner TM. Morphological Parallelism In Opisthobranch Gastropods. *Malacologia* 1991; 32(2): 313-27.
20. Mikkelsen PM. Monophyly Versus The Cephalaspidea (Gastropoda, Opisthobranchia), With An Analysis Of Traditional Cephalaspid Characters. *Boll Malacol* 1993; 29: 115-38.
21. Eales NB. Aplysiids From The Indian Ocean, With A Review Of The Family Aplysiidae. *J Mollus Stud* 1944; 26(1): 1-22.
22. Marcus ED. On The Anaspidea (Gastropoda: Opisthobranchia) Of The Warm Waters Of The Western Atlantic. *Bull Mar Sci* 1972; 22(4): 841-74.
23. Burn R. Opisthobranchs (Subclass Opisthobranchia). In: Shepherd SA, Thomas IM, editors. *Marine Invertebrates Of Southern Australia. Part 2*. Adelaide: South Australian Government Printer, 1989, 725-88.
24. Patwardhan A, Ray S, Roy A. Molecular Markers In Phylogenetic Studies-A Review. *J Phylogen Evolution Biol* 2014; 2(2): 1-9.
25. Simon C, Frati F, Beckenbach A, et al. Evolution, Weighting, And Phylogenetic Utility Of Mitochondrial Gene Sequences And A Compilation Of Conserved Polymerase Chain Reaction Primers. *Ann Entomol Soc Am* 1994; 87(6): 651-701.
26. Eales NB. Revision Of The World Species Of *Aplysia* (Gastropoda, Opisthobranchia). *Bull Br Mus Nat Hist Zool* 1960; 5: 267-404.

Original Article

Molecular Identification of the Persian Gulf Sea Hare (*Aplysia* sp.) Based on 16s rRNA Gene Sequence

P. Dehghani (MSc)^{1*}, H. Zolgharnein (PhD)^{1**}, I. Nabipour (MD)²,
S. Matroodi (PhD)¹, M. Mohammadi (PhD)²

¹ Department of Marine biology, School of Marine Science and Oceanography, Khorramshahr University of Marine Science and Technology, Khorramshahr, Iran

² The Persian Gulf Marine Biotechnology Research Center, The Persian Gulf Biomedical Sciences Research Institute, Bushehr University of Medical Sciences, Bushehr, Iran

(Received 10 Dec, 2020

Accepted 5 Jan, 2021)

Abstract

Background: Sea hares of the *Aplysia* genus are among the mollusks of interest for various researchers to study their phylogeny, bioactive compounds and the nervous system. These mollusks are herbivorous and produce chemical compounds (ink) to defend themselves. The present study provided molecular identification of the Persian Gulf (Bushehr city) sea hare using 16s rRNA gene sequence.

Materials and Methods: Sampling was done in coastal waters of Bushehr (Bushehr Province, Iran). Total DNA was extracted using CTAB method and target DNA was amplified by 16sar-L and 16sbr-H universal primers. For phylogenetic analysis, both Maximum Likelihood and Bayesian methods (by RAXML and Mr. Bayes programs, respectively) were used. For ML algorithm, 1000 bootstrap replicates were generated. In Bayesian approach, the program was implemented for 20 million generations and one tree for every 1000 generations was sampled.

Results: Based on the obtained tree from ML method, Persian Gulf sea hare and *Aplysia dactylomela* were placed in a clade with 87% bootstrap and high posterior probability (PP=1). The obtained phylogenetic tree from Bayesian approach showed similar topology. The Persian Gulf sea hare with 95.8% bootstrap and PP=1 was again supported in the sister group of *A. dactylomela*.

Conclusion: The results from the molecular analysis of 16s rRNA gene sequence indicate probable existence of a new species of sea hare in the Persian Gulf region. In order to determine the exact position of the present species, the phylogenetic analysis of COI gene sequence and morphological characteristics are essentials.

Keywords: Sea hare, *Aplysia*, Persian Gulf, Molecular phylogenetic, 16s rRNA.

©Iran South Med J. All right reserved

Cite this article as: Dehghani P, Zolgharnein H, Nabipour I, Matroodi S, Mohammadi M. Molecular Identification of the Persian Gulf Sea Hare (*Aplysia* sp.) Based on 16s rRNA Gene Sequence. *Iran South Med J* 2021; 24(1):75-87

Copyright © 2021 Dehghani, et al This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-noncommercial 4.0 International License which permits copy and redistribute the material just in noncommercial usages, provided the original work is properly cited.

** Address for correspondence: Department of Marine biology, School of Marine Science and Oceanography, Khorramshahr University of Marine Science and Technology, Khorramshahr, Iran. Email: zolgharnein@kmsu.ac.ir

*ORCID: 0000-0002-2105-7546

**ORCID: 0000-0001-5944-3349

Website: <http://bpums.ac.ir>
Journal Address: <http://ismj.bpums.ac.ir>