

## شناسایی مورفولوژیک و مولکولی جلبکهای قهوه ای گونه پادینا در سواحل بندر لنگه، خلیج فارس

آزاده طاهر پور<sup>۱</sup>، بیتا ارچنگی\*<sup>۱</sup>، صدرالدین قائم مقامی<sup>۱</sup>، حسین ذوالقرنین<sup>۱</sup>، کمال غانمی<sup>۲</sup>

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

۲. گروه شیمی دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۱/۱۶

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۴/۱۱

### چکیده

جلبک‌های قهوه‌ای جنس پادینا، به طور گسترده‌ای در مناطق ساحلی گرمسیری و معتدل و در مناطق بین جزر و مدی تا نواحی زیر جزر و مدی یافت می‌شوند. هدف از تحقیق حاضر، شناسایی جلبک‌های جنس پادینا در سواحل بندر لنگه با استفاده از شواهد مورفولوژیکی و توالی‌های کلروپلاستی *rbcL* است. شناسایی مورفولوژیک با استفاده از کلید شناسایی معتبر و سپس استخراج DNA با استفاده از روش CTAB با اندکی تغییر انجام شد. تکثیر قطعات ژنومی با استفاده از پرایمر *rbcL* انجام شد. پس از تجزیه و تحلیل توالی‌های ژنومی و نرم افزارهای Chromas، BioEdit و MEGA6 درخت‌های فیلوژنی با استفاده از برنامه BLAST و MEGA6 و به صورت دو مدل NJ و ML رسم شد. در تحقیق حاضر، گونه‌های *P. australis* و *P. Boergessenii* با دو روش شناسایی شدند. دو گونه شناسایی شده بر روی درخت فیلوژنی با ۹۹ درصد احتمال در یک کلاستر قرار گرفته، شباهت ژنتیکی بالایی را نسبت به گونه‌های مقایسه شده و نزدیک پادینای موجود در بانک ژن نشان دادند.

واژه‌های کلیدی: *P. australis*، *P. boergessenii*، *rbcL*، بندر لنگه، خلیج فارس

## ۱. مقدمه

جلبک‌های پادینا به طور گسترده‌ای در مناطق ساحلی گرمسیری و معتدل، در مناطق بین جزر و مدی تا نواحی زیر جزر و مدی یافت می‌شوند. رنگ این گیاهان قهوه‌ای متمایل به زرد، اغلب پنکه‌ای شکل و لبه‌های دوار آنها دارای سلول‌های مریستمی است. رشد این جلبک‌ها از این بخش آغاز می‌شود. تال در دو سطح یا تنها در سطح بالایی حاشیه دوار کلسیمی شده‌است. برخی از گونه‌ها یک مرحله *Vaughaniella* (ریشه زایی) دارند که در آن یک سلول راسی از ریشه‌های عمودی توسعه پیدا می‌کند. دوره زندگی آنها به صورت ایزومورفیک- دیپلو هاپلونتیک، با یک تناوب نسل از گامتوفیت‌های هاپلوئید و اسپوروفیت‌های دیپلوئید است. در این چرخه هر دو نسل هاپلوئید و دیپلوئید، نسل‌های پرسلولی حقیقی هستند و گامتوفیت و اسپوروفیت از لحاظ مورفولوژیکی، کاملاً مشابه هستند (Ni-Ni-Win et al., 2011).

کلسیمی بودن و شکل بادبزنی برگ‌ها ویژگی‌هایی هستند که به راحتی می‌توان گیاه را در طبیعت تشخیص داد. ولی تشخیص گونه‌های آن از یکدیگر به راحتی میسر نیست و نیاز به مطالعه چرخه تولیدمثلی و خصوصیات مورفولوژیکی نظیر ریخت‌شناسی کلی، محل و میزان کلسیفیکاسیون، وجود یا عدم وجود مرحله *Vaughaniella*، وضعیت و آرایش خطوط مویی، وضعیت و آرایش هاگ تتراسپوران‌های مربوط به خطوط مویی و حضور یا فقدان غلاف میوه، پوشش شفاف هاگ تتراسپوران‌ها دارد (Abbas and Shameel., 2013). به دلیل تفاوت در ویژگی‌های ریخت‌شناسی در طول زمان رشد جلبک و همچنین استفاده نامتناقض از اصطلاحات رده‌بندی توسط محققین متعدد (Trono, 1969)، نبود اطلاعات کافی از ویژگی‌های تشخیصی برای تعریف گونه و عدم دسترسی به توالی‌های DNA طبقه‌بندی گونه‌ها در این جنس هنوز ابهام‌آمیز و مشکل است (Lee and

Bae., 2002; Hoshina et al., 2004; DeClerck et al., 2006).

امروزه استفاده از داده‌های مولکولی به طور گسترده‌ای برای شناسایی دقیق جلبک‌ها استفاده می‌شود. معمول‌ترین توالی برای تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک گیاهی، مربوط به ژن کد کننده زیر واحد بزرگ آنزیم ریبولوز ۱، ۵ بیس فسفات کربوکسیلاز اکسیژناز (RUBISCO) است که تنها یک نسخه از آن در ژنوم کلروپلاست یافت می‌شود. طول توالی این ژن در حدود ۱۴۲۵ جفت باز بوده، نهایتاً پروتئینی با ۴۷۵ آمینو اسید ایجاد می‌کند. ژن *rbcL* به دلیل نسبت تکاملی آرام و توانایی در حفاظت پرایمرها به طور گسترده در سطوح مختلف طبقه‌بندی و شناسایی گونه‌ها استفاده می‌شود (Hao et al., 2010). با توجه به این نکته که امروزه توالی یابی ژن *rbcL* یکی از بهترین روش‌ها در مطالعات فیلوژنتیک است، تحقیقات متعددی با استفاده از این روش در زمینه شناسایی و روابط فیلوژنتیک جلبک‌های پادینا در جهان انجام شده است (Ni-Ni-Win et al., 2011a; Silberfeld et al., 2011). در پروژه حاضر، شناسایی و بررسی روابط فیلوژنی و خویشاوندی گونه‌های جنس پادینا با استفاده از ژن *rbcL* بررسی شده‌است.

## ۲. مواد و روش‌ها

جمع‌آوری جلبک‌های پادینا از سواحل بندر لنگه ( $54^{\circ} 52' N, 26^{\circ} 32' E$ ) در سال ۱۳۹۲ و در زمان حداکثر جزر انجام گرفت. ابتدا نمونه‌های جلبکی کاملاً تمیز شدند. تعدادی از نمونه‌ها جهت شناسایی مورفولوژیک در فرمالین ۴ درصد نگهداری شدند و مابقی به منظور شناسایی مولکولی در فریزر ۲۰- قرار گرفتند. شناسایی مورفولوژیک گونه‌های پادینا با استفاده از کلیدهای شناسایی Trono و Gaviro در سال ۱۹۹۷، قرینجک و روحانی قادیکلایی (۱۳۸۹) انجام شد.

به عنوان outgroup استفاده شد. پس از همردیف - سازی و مقایسه توالی‌ها، درخت‌های فیلوژنی به روش‌های پیوند همجواری (NJ) و حداکثر احتمال (ML) ترسیم شدند.

### ۳. نتایج

بر اساس مشخصات مورفولوژی دو گونه *P. australis* و *P. boergessenii* شناسایی شدند.

از لحاظ ویژگی‌های ریخت شناسی گونه *P. australis* رنگ جلبک، قهوه‌ای متمایل به زرد، طول تال ۱۵-۱۰ سانتی‌متر، پهنک به تعداد زیادی قطعات تقسیم شده است. سطح جلبک، اغلب در حاشیه‌ها چاک‌دار بوده، با موهای قهوه‌ای در بالای بخش میانی برگ پوشیده شده است. در بعضی قسمت‌ها نیز رنگ سفید ناشی از رسوب کلسیم دیده می‌شود.

بررسی ویژگی‌های ریخت شناسی *P. boergessenii*. نشان می‌دهد رنگ این گونه جلبک، قهوه‌ای تیره است. همچنین طول تال به ۲۰-۱۵ سانتی‌متر می‌رسد که دارای چندین لوب شکننده بادبزی شکل با شکاف‌های عمیق است. لب‌ها در قاعده باریک و به سمت بالا پهن هستند و با موهای متمرکز ردیفی در سطح بالایی و پایینی برگ پوشیده شده‌اند. اسپورسیت‌ها در هاگینه‌های کروی و به صورت خطی دسته‌بندی شده‌اند، در بعضی قسمت‌ها سفید رنگ ناشی از رسوب کلسیم دیده می‌شود.

در این تحقیق، شناسایی بر اساس توالی‌های ژن *rbcL* انجام شده و روابط فیلوژنتیکی بین گونه‌های پادینا با استفاده از مارکر *rbcL* بررسی شد. پس از دریافت توالی‌ها، آنالیز داده‌ها به ترتیب در نرم‌افزار Chromas و Bioedit انجام شد، سپس برای بررسی و شناسایی گونه‌های پادینا، توالی‌های به‌دست‌آمده با توالی‌های موجود در بانک ژنی مقایسه شد. نتایج حاصل از BLAST، شباهت ۹۷ درصدی توالی‌های مورد مطالعه را با توالی‌های مربوط به گونه‌های *P. australis* و *boergessenii* نشان داد.

مراحل استخراج DNA جلبک‌های پادینا با استفاده از روش CTAB (Tuney and Sukatar, 2010) (با اعمال اندکی تغییرات) انجام شد. جهت انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز، حجم نهایی محلول به ۲۵ میکرولیتر رسید به طوری که برای هر واکنش مقدار ۱۰۰-۵۰ نانوگرم DNA استخراجی، ۰/۲ میلی مولار از هر کدام از نوکلئوتیدها (dATP, dCTP, dGTP, dTTP)، ۰/۵ میکرومولار از هر آغازگر، ۲/۵ میکرولیتر از بافر X ۱۰ و واکنش، ۳ میلی مولار  $MgCl_2$  و یک واحد آنزیم TaqDNA پلیمرز تهیه شد. عمل PCR در دستگاه ترموسایکلر با چرخه دمایی شامل دناتوراسیون اولیه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳ دقیقه و سپس ۵۸ درجه سانتی‌گراد به مدت ۰/۵ دقیقه جهت اتصال پرایمر، ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه جهت بسط پرایمر برای ۲۸ چرخه و بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد. کیفیت باندهای محصول PCR به کمک الکتروفورز روی ژل آگارز ۱/۵ درصد بررسی گردید. محصولات PCR برای تعیین توالی به شرکت ژن فناوریان فرستاده شدند.

### آنالیز داده‌ها

کروماتوگرام توالی‌های به‌دست آمده به وسیله نرم‌افزار Chromas و BioEdit بررسی و ویرایش شدند. به منظور مقایسه توالی نمونه‌های مورد مطالعه با دیگر توالی‌های موجود در پایگاه اطلاعات ژنتیکی (NCBI) از برنامه BLAST، به عنوان یکی از ابزارهای همردیفی توالی‌های DNA استفاده شد و میزان تشابه، همپوشانی و شناسایی اولیه بر اساس داده‌های مولکولی مشخص شد. بعد از شناسایی اولیه نمونه‌های مورد مطالعه بر اساس برنامه BLAST، توالی‌های DNA گونه‌های مشابه یا نسبتاً مشابه با نمونه‌های مورد مطالعه از بانک‌های اطلاعات ژنتیکی استخراج گردید و به همراه توالی‌های DNA مورد مطالعه در این تحقیق توسط نرم‌افزار MEGA6 تجزیه و تحلیل شدند. از توالی مربوط به ژن *rbcL* جنس *Dictyota*

به منظور رسم درخت‌های فیلوژنتیکی، ۲۳ توالی مربوط به گونه‌های پادینا و توالی مربوط به ژن *rbcL* جنس *Dichotoma* از بانک ژن گرفته، تجزیه و تحلیل شد. سپس درخت‌های تبارزایی به روش پیوند همجواری (NJ) و حداکثر احتمال (ML) ترسیم شدند (شکل ۱ و ۲).

نتایج آنالیزهای مولکولی و رسم درخت‌های فیلوژنی به روش NJ و ML موقعیت گونه‌های مورد مطالعه را به طریق نسبتاً مشابهی نشان داد. در روش NJ و ML درخت مونوفیلیتیک رسم شده که گونه مورد مطالعه *P. australis* با گونه‌های *P. australis* (AB252656, JQ364053, JQ364054) و ژاپن (AB358907) در یک کلاد مشترک قرار گرفتند که با بوت استرپ بیش از ۸۰ درصد تایید شدند. گونه *P. boergessenii* ایران (AB793722) و ژاپن (AB820943) در یک کلاد قرار گرفتند که نشان دهنده ارتباط نزدیک آنها با هم بود و با بوت استرپ بیش از ۹۰ درصد تایید شدند (شکل ۱ و ۲).

گونه‌های *australis* و *boeregessenii* با بوت استرپ بیش از ۹۹ درصد در یک خوشه قرار گرفتند که بیانگر رابطه خویشاوندی نزدیک بین آنها است (شکل ۱ و ۲).

گونه‌های شناسایی شده خلیج فارس ارتباط نزدیکی با گونه‌های فرانسه، ژاپن و ایران نشان دادند که با بوت استرپ ۱۰۰ درصد در یک گروه خوهری قرار گرفتند. مطالعه Amini و همکاران (۲۰۱۳) ارتباط نزدیک گونه‌های *Padina* Sp. FA را با گونه‌های *P. australis* و *P. boergessenii* نشان داد که این گونه‌ها در درخت فیلوژنی در یک گروه قرار گرفتند. در مطالعه‌ای که توسط Silberfeld و همکاران برای شناسایی جلبک‌های پادینا در سال ۲۰۱۳ انجام گرفت گونه‌های *P. australis* و *P. boergesenii* شناسایی شده در یک گروه خوهری قرار گرفتند که با نتایج پژوهش حاضر و قرار گرفتن گونه‌ها در یک گروه هم‌خوانی دارد و موید ارتباط نزدیک و رابطه خویشاوندی این گونه‌ها نسبت به یکدیگر است.

در گذشته شناسایی جنس و گونه‌های ماکروجلبک‌ها بر ویژگی‌های ظاهری متکی بوده است. در صورتی که خصوصیات مورفولوژیکی به دلیل اختلافات ظاهری ناشی از محیط و منطقه جغرافیایی و زیستگاهی، استفاده از اصطلاحات نامتناسب در رده‌بندی و اطلاعات ناکافی ویژگی‌های تشخیصی، نمی‌تواند جدایی گونه‌ها را به طور دقیق بیان کند (Trono, 1969; Allender and Kraft, 1983). امروزه از داده‌های مولکولی به طور گسترده‌ای برای شناسایی دقیق‌تر موجودات استفاده می‌شود. در مطالعه حاضر، با توجه به شواهد مورفولوژیکی و آنالیزهای مولکولی، دو گونه *P. australis* و *P. boergessenii* در سواحل بندر لنگه شناسایی شدند. در سال ۲۰۰۴، Sohrabipour و همکاران، گونه‌های مذکور را تنها با استفاده از شواهد مورفولوژیکی در منطقه بندر لنگه شناسایی کردند. یافته‌های مطالعه حاضر وجود گونه‌های *P. australis* و *P. boergessenii* را در سواحل خلیج فارس و بندر لنگه تایید می‌کند.

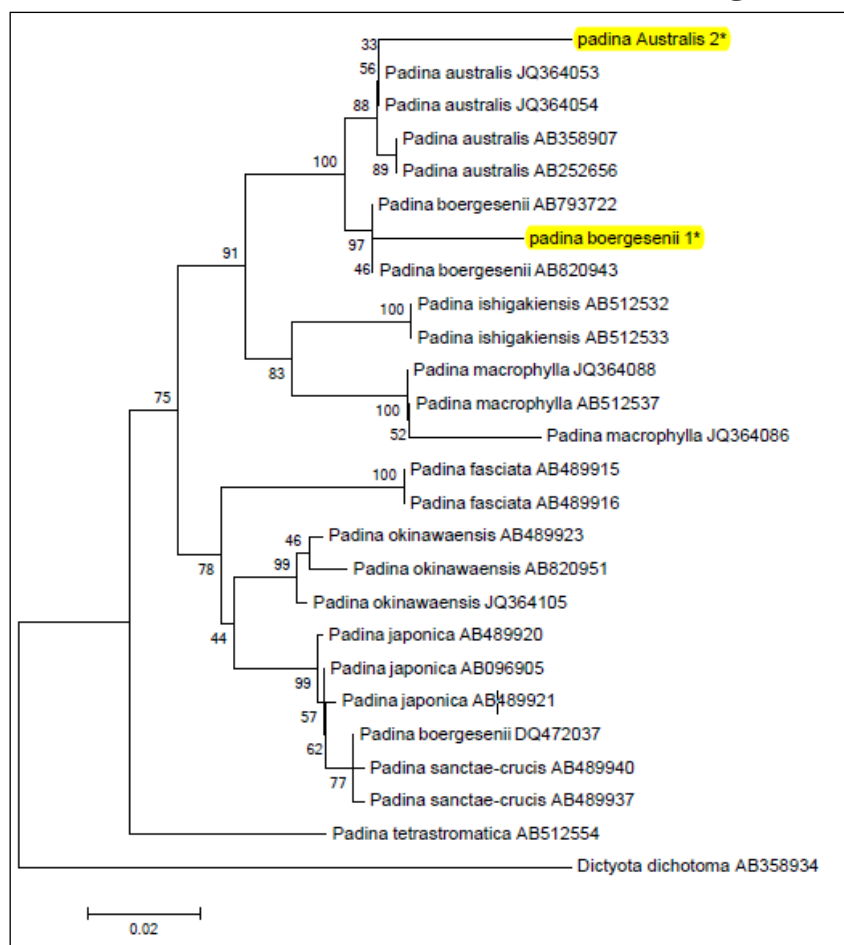
در این تحقیق، شناسایی مولکولی گونه‌های مربوط به جنس پادینا با استفاده از توالی ژن *rbcL* انجام گرفت. این مارکر به طور گسترده در مطالعات تکاملی، فیلوژنی، جغرافیای زیستی، ژنتیک جمعیت و سیستماتیک مولکولی استفاده می‌شود، زیرا به آسانی تکثیر می‌شود و به منظور تشخیص گونه‌های مرتبط از یکدیگر، کاملاً قابل استناد است (Sheng-Guo et al., 1997; Doyle et al., 2008). همچنین چون نرخ جهش در این نواحی ژنی ثابت است، این مناطق می‌توانند گونه‌هایی با اختلاف ژنتیکی بسیار کم را نیز از هم متمایز کنند (Hamdamet al., 2013). به همین دلیل از این ژن برای شناسایی جلبک‌ها تا حد گونه استفاده می‌شود. تاکنون محققان زیادی نیز با استفاده از توالی ژن *rbcL* گونه‌های ماکروجلبک‌ها را شناسایی کرده‌اند (Ni-Ni-Win et al., 2011a; Ni-Ni-Win et al., 2011b; Wongsawad and Peerapornpisa, 2014).

مولکولی جهت تعیین جایگاه تاکسونومیکی و فیلوژنتیکی جلبکهای مذکور بهره‌برد. نتیجه کلی تحقیق حاضر، موقعیت فیلوژنتیکی گونه های ایرانی جلبک قهوه‌ای پادینای سواحل بندر لنگه را نشان داد و مشخص نمود که دو گونه مذکور با احتمال ۹۹ درصد در یک کلاستر مشترک قرار داشته، شباهت ژنتیکی بسیار نزدیکی دارند. نتایج چنین تحقیقاتی، اطلاعات بنیادی در زمینه حفظ و حراست از تنوع زیستی گونه های مذکور ارائه نموده، همچنین راهکارهای مدیریتی جهت استفاده بهینه و پایدار از این منابع با ارزش دریایی به محققان شاخه های مختلف علوم زیستی و فناوری زیستی دریا پیشنهاد می‌نماید.

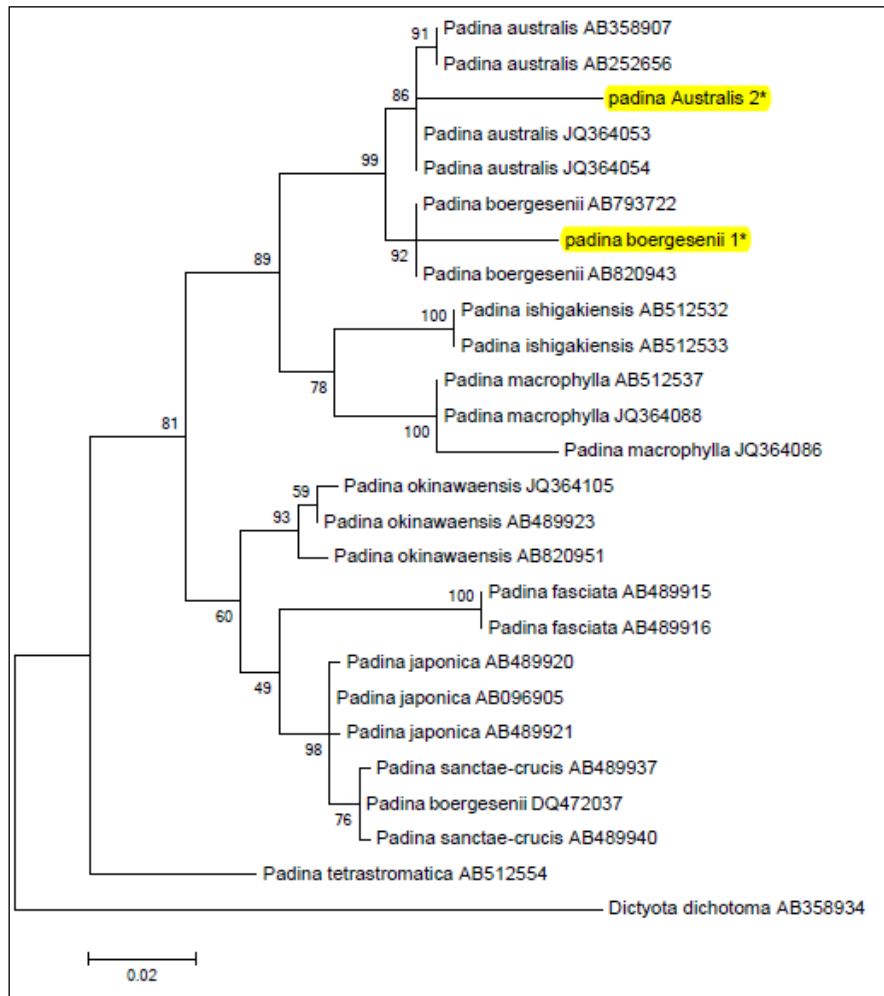
از سوی دیگر، گونه *P. australis* خلیج فارس با گونه‌های *P. australis* فرانسه ( JQ364054, JQ364053) در یک کلاستر قرار گرفتند. *P. australis* شناسایی شده در تحقیق حاضر، طول شاخه بزرگتری را نشان داد که بیانگر واگرایی بیشتر این گونه نسبت به سایر گونه‌های کلاستر است (شکل ۳ و ۴). گونه *P. boergesenii* خلیج فارس با گونه ایران (AB793722) و ژاپن (AB820943) در یک کلاستر قرار گرفتند که این گونه نیز واگرایی بیشتری نسبت به سایر گونه‌های کلاستر دارد (شکل ۱ و ۲).

#### ۴. بحث و نتیجه گیری

به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که بررسی‌های مولکولی نقش مهمی در شناسایی و طبقه بندی جلبک‌های قهوه‌ای داشته، می‌توان از آنالیز داده های



شکل ۱. درختچه NJ (Neighbor Joining) گونه‌های پادینا بر اساس توالی ژن rbcL جایگاه دو گونه مورد بررسی در تحقیق حاضر بر روی درخت فیلوژنی پرننگ نشان داده شده‌است.



شکل ۲. درختچه ML (Maximum Likelihood) گونه‌های پادینا بر اساس توالی rbcL جایگاه دو گونه مورد بررسی در تحقیق حاضر بر روی درخت فیلوژنی پررنگ نشان داده شده است.

## منابع

- Gherinjak, B.M., Ruhani Ghadikolaii K. 2011. Atlas of Marine Algae from Coasts of Persian Gulf and Oman Sea. Ministry of Agriculture. Iranian Fisheries Institute. 202 pp.
- Abbas, A., Shameel, M. 2013. Morpho-anatomical Studies on the Genus *Padina* (*Dictyotales, Phaeophycota*) from the Coast of Karachi. Pakistan. Pakistan Academy of Science 50: 21-36.
- Allender, B., Kraft, G. 1983. The marine algae of Lord Howe Island (NSW): The dictyotales and Cutleriales (Phaeophyta). Aust. Syst. Bot. 6: 73-130.
- Amini, F., Riahi, H., Zolgharnain, H. 2013. Ribulose-1, 5-Bisphosphate Carboxylase/Oxygenase Gene Sequencing in Taxonomic Delineation of *Padina* Species in the Northern Coast of the Persian Gulf, (IRAN). J. of the Persian Gulf 4: 47-57.
- De Clerck, O., Leliaert, F., Verbruggen, H., Lane, C.E., De Paula, J.C., Payo, D.A., Coppejans, E. 2006. A revised classification of the Dictyotae (Dictyotales, Phaeophyceae) based on rbcL and 26S ribosomal DNA sequence analyses. J. of Phycol. 42: 1271-1288.
- Doyle, J.J., Poyle, J.L., Ballenger, J.A., Dickson, E.E., Kajita, T., Ohashi, H. 1997. A phylogenetic of the chloroplast gene rbcL in the Leguminosae: taxonomic correlations and insights into the evolution of nodulation. American J. of Bot. 84: 541-554.
- Hamdam, N., Samad, A.A., Hidyat, T., Salleh, F.M. 2013. Phylogenetic analysis of eight Malaysian pineapple cultivars using a chloroplast marker (rbcL gene). J. of Tech. 64: 29-33.

- Hao, D.C., Mu, J., Xiao, P.G. 2010. Molecular evolution and positive Darwinian selection of the gymnosperm photosynthetic Rubisco enzyme. *Bot. Stu.* 51: 491-510.
- Hoshina, R., Hasegawa, K., Tanaka, J., & Hara, Y. 2004. Molecular phylogeny of the Dictyotaceae (Phaeophyceae) with emphasis on their morphology and its taxonomic implication. *Jap. J. of Phycol.* 52(suppl): 189-94.
- Lee, W.J., & Bae, K.S. 2002. Phylogenetic relationships among several genera of Dictyotaceae (Dictyotales, Phaeophyceae) based on 18S rRNA and partial rbcL gene sequences. *Mar. Biol. J.* 140:1107-15.
- Liang, H. 1997. The Phylogenetic reconstruction of the grass family (Poaceae) using matK gene sequences. Virginia Polytechnic Institute and State University.
- Ni-Ni-Win, Hayuda, T., Arai, S., Uchimura, M., Prathep, A., Draisma, S.G.A., Phang, S.M., Abott, I.A., Millar, A.J.K., & Kawai, H. 2011a. A taxonomic study of the genus *Padina* (dictyotales, phaeophyceae) including the description of four new species from Japan, Hawaii and the Andaman sea. *J. of Phycol.* 47: 1193-1209.
- Ni-Ni-Win, Hayuda, T., Draisma, SGA. Furnal, G., Meinesz, A., & Kawai, H. 2011. *Padina ditristromatica* sp.nov. and *Padina pavonicoides* sp.nov. (Dictyotales, Phaeophyceae), two new species from the Mediterranean Sea based on morphological and molecular markers. *European J. of Phycol.* 46: 327-341.
- Sheng-Guo, J., Ke-Ke, H., Jun, W., Sheng-Li, P. 2008. A molecular phylogenetic study of Huperziaceae based on chloroplast rbcL and psbA-trnH sequences. *J. of Syst. Evol.* 46: 213-219.
- Silberfeld, T., Bittner, L., Fernández-García, C., Cruaud, C., Rousseau, F., Reviere, B., Leliaert, F., Payri, C.E., Clerck, O. 2013. Species diversity, phylogeny and large scale biogeographic patterns of the genus *Padina* (Phaeophyceae, Dictyotales). *J. of Phycol.* 49: 130-142.
- Sohrabipour, J., Nejdastari, T., Assadi, M., Rabei, R. 2004. The marine algae of the southern coast of Iran, Persian Gulf, Lengeh area. *Iranian J. of Bot.* 10: 83-93.
- Trono, C., Jr. 1969. The marine benthic algae of the Caroline Islands. II. Phaeophyta and Rhodophyta. *Micronesica.* 5: 25-119.
- Trono, J.R., Gavira, C. 1997. Field guide and atlas of the seaweed resources of Philippines. Bookmark. Inc. Makati City, Philippines 306.
- Tuney, Đ., Sukatar, A. 2010. DNA extraction protocol from Brown Algae. *Biol. Div and Cons* 3: 51-55.
- Wongsawad, P., Peerapornpisal, Y. 2014. Molecular identification and phylogenetic relationship of green algae, *Spirogyra ellipsospora* (Chlorophyta) using ISSR and rbcL markers. *Saudi J. of Biol. Sci.*

## Morphological and Molecular Identification of Brown Algae, *Padina* sp. In Lengeh Port, Persian Gulf

Azadeh Taherpour<sup>1</sup>, Bitarchangi<sup>1\*</sup>, Sadroddin Ghaemmaghami<sup>1</sup>, Hosein Zolgharnein<sup>1</sup>, Kmal Ghanemi<sup>2</sup>

1. Department of Marine Biology, College of Marine Science and Oceanography, Khorramshahr University of Marine Science and Technology

2. Department of Marine Chemistry, College of Marine Science and Oceanography, Khorramshahr University of Marine Science and Technology

### Abstract

Brown algae, *Padina* sp., are found across tropical coastal areas as well as inter-tidal and sub-tidal regions. The aim of this research was to identify the morphological and molecular characteristics of the *Padina* species distributed across Port Lengeh in the Persian Gulf using morphological examinations and rbcL chloroplast gene sequencing. For this purpose, morphological features were undertaken using valid identification keys. For the molecular analysis, genomic DNA was extracted through slightly modified CTAB. The amplification of fragments was carried out using rbcL primers. The analysis of genome sequences was undertaken using Chromas, BioEdit and MEGA6 and the phylogenetic trees were constructed through Neighbor Joining (NJ) and Maximum Likelihood (ML). The results indicated that there was a 99% chance that the two identified *Padina* species (*P. boergessenii* and *P. australis*) belonged to the same cluster and that there were large genetic similarities among the compared *Padina* species registered in GenBank.

**Keywords:** *P. australis*, *P. boergessenii*, rbcL, Port Lengeh, the Persian Gulf

Figure 1: The NJ (Neighbor Joining) phylogenetic tree of the *Padina* sp. based on rbcL gene sequencing.

The taxonomic position of the two *Padina* species in this research is highlighted on the phylogenetic tree.

Figure 2: The ML (Maximum Likelihood) phylogenetic tree of the *Padina* sp. based on rbcL gene sequencing.

The taxonomic position of the two *Padina* species in this research is highlighted on the phylogenetic tree.

---

\*Corresponding Author, E-mail: bita.archangi@gmail.com