View metadata, citation and similar papers at core.ac.uk
brought to you by CORE
provided by Aquatic Commons

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

آزاده طاهر پور[۱]، بیتا ارچنگی*[۱]، صدرالدین قائم مقامی[۱]، حسین ذوالقرنین[۱]،کمال غانمی[۲]

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 توالی های 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 توالی های ژنومی و نرم افزارهای Chromas، BioEdit و MEGA6 درخت های فیلوژنی با استفاده از برنامه BLAST و MEGA6 و به‌صورت دو مدل NJ و ML رسم شد. در تحقیق حاضر، گونه های *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 گونه های مقایسه شده و نزدیک پادینای موجود در بانک ژن نشان دادند.

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

*نویسنده مسوول، پست الکترونیک: bita.archangi@gmail.com

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 جلبک ها 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 ریسه‌های 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 تتراسپورانژهای مربوط به خطوط مویی و حضور یا فقدان غلاف میوه، پوشش شفاف هاگ تتراسپورانژیا 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 استفاده‌می‌شود (Haoetal., 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 جلبک های پادینا در جهان انجام شده است (Ni-Ni-Win et al., 2011a; Silberfeld et al.,). درپروژه حاضر، شناسایی و بررسی روابط فیلوژنی و خویشاوندی گونه های جنس پادینا با استفاده از ژنrbcL بررسی‌شده‌است.

۲. مواد و روش ها

جمع‌آوری جلبک‌های پادینا از سواحل بندر لنگه (54° 52′ N,26° 32′ E) در سال ۱۳۹۲ و در زمان حداکثر جزر انجام گرفت. ابتدا نمونه‌های جلبکی کاملا تمیز شدند. تعدادی از نمونه‌ها جهت شناسایی مورفولوژیک در فرمالین ۴ درصد نگهداری شدند و مابقی به‌منظور 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.

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 پلیمراز، حجم نهایی محلول به ۲۵ میکرولیتر رسید به‌طوری‌که برای هر واکنش مقدار ۱۰۰-۵۰ نانوگرم DNA استخراجی، ۲/. میلی مولار از هر کدام از نوکلئوتیدها (dATP, dCTP, dGTP, dTTP)، ۵/. میکرومولار از هر آغازگر، ۲/۵ میکرولیتر از بافر X ۱۰ واکنش، ۳ میلی مولار $MgCl_2$ و یک واحد آنزیم TaqDNA پلیمراز تهیه شد. عمل PCR در دستگاه ترموسایکلر با چرخه دمایی شامل دناتوراسیون اولیه در ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳ دقیقه و سپس ۵/. دقیقه در ۹۴ سانتی گراد جهت دناتوراسیون، ۵۸ درجه سانتی گراد به مدت۵/. دقیقه جهت اتصال پرایمر، ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۲ دقیقه جهت بسط پرایمر برای ۲۸ چرخه و بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتی گراد 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 فناوران فرستاده شدند.

آنالیز داده‌ها

کروماتوگرام توالی‌های به‌دست آمده به وسیله نرم-افزار Chromas و BioEdit بررسی و ویرایش شدند. به منظور مقایسه توالی نمونه‌های مورد مطالعه با دیگر توالی‌های موجود در پایگاه اطلاعات ژنتیکی (NCBI) از برنامهBLAST، 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 Dictotoma 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 شده‌است. سطح جلبک، اغلب در حاشیه‌ها چاک‌دار بوده، با موهای قهوه‌ای در بالای بخش میانی برگ پوشیده شده است. در بعضی قسمت ها نیز رنگ سفید ناشی از رسوب کلسیم دیده‌می شود.

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 بادبزنی 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 دیده‌می شود.

در این تحقیق، شناسایی بر اساس توالی های ژن rbcL انجام شده و روابط فیلوژنتیکی بین گونه‌های پادینا با استفاده از مارکر rbcL بررسی‌شد. 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. boeregessenii* و *P. australis* نشان داد.

در گذشته شناسایی جنس و گونه‌های ماکروجلبک ها بر ویژگی‌های ظاهری متکی بوده‌است. در صورتی که خصوصیات مورفولوژیکی به دلیل اختلافات ظاهری ناشی از محیط و منطقه جغرافیایی و زیستگاهی، استفاده از اصطلاحات نا متناسب در رده‌بندی و اطلاعات ناکافی ویژگی‌های تشخیصی، نمی‌تواند جدایی گونه‌ها را به طور دقیق بیان کند (Trono, 1969;Allender andKraft,1983). امروزه از داده‌های مولکولی به طور گسترده ای 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 مورفولوژیک 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 ژنrbcL 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 به‌منظور تشخیص گونه‌های مرتبط از یکدیگر، کاملاً قابل استناد است (Sheng-Guo et al., 2008; Doyle et al., 1997). همچنین چون نرخ جهش در این نواحی ژنی ثابت است، این مناطق می-توانند گونه‌هایی با اختلاف ژنتیکی بسیار کم را نیز از هم متمایز کنند (Hamdamet al., 2013). به‌همین دلیل از این ژن برای شناسایی جلبک‌ها تا حد گونه استفاده می‌شود. تاکنون محققان زیادی نیز با استفاده از توالی ژنrbcL گونه‌های ماکروجلبک ها را شناسایی کرده اند (Ni-Ni-Win et al., 2011a; Ni-Ni-Win et al., 2011b; Wongsawad and Peerapornpisa, 2014).

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 و۲).

نتایج آنالیزهای مولکولی و رسم درخت‌های فیلوژنی به روش NJ و ML موقعیت گونه های مورد مطالعه را به‌طریق نسبتاً مشابهی نشان داد. در روش NJ و ML درخت مونوفیلتیک رسم شده که گونه مورد مطالعه *P. australis* با گونه‌های *P. australis* فرانسه (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).

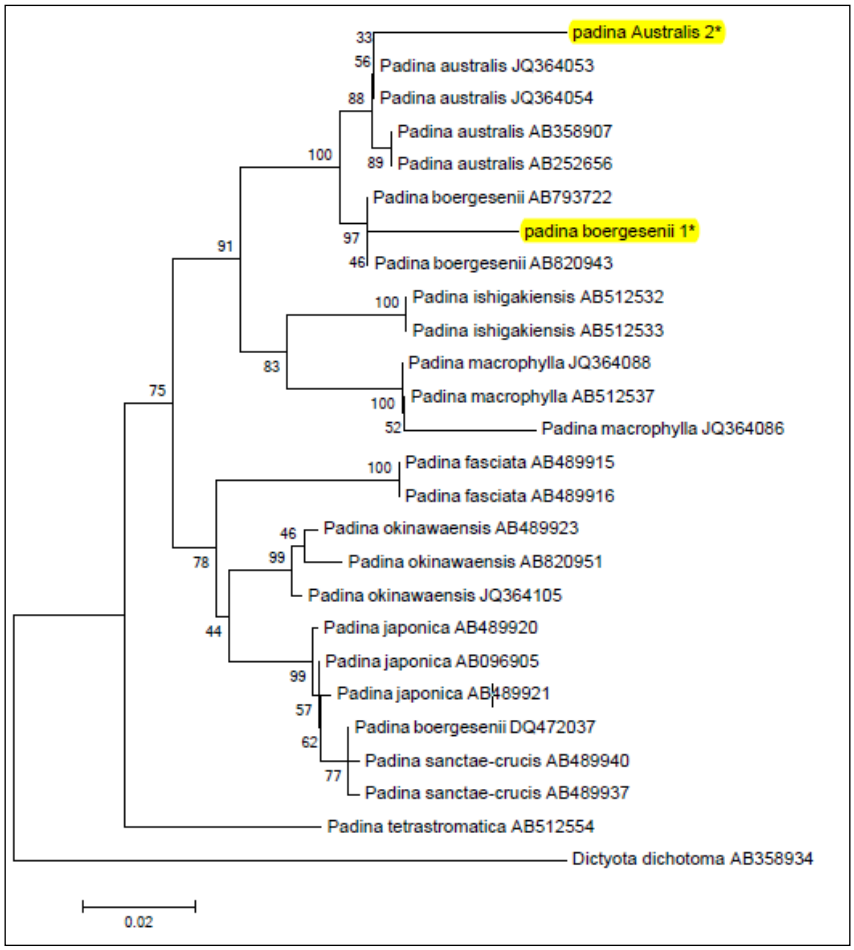
گونه‌های *australis* و *boeregessenii* با بوت استرپ بیش از ۹۹ درصد در یک خوشه قرار گرفتند که بیانگر رابطه خویشاوندی نزدیک بین آنها است (شکل ۱ و ۲).

گونه‌های شناسایی شده خلیج فارس ارتباط نزدیکی با گونه‌های فرانسه، ژاپن و ایران نشان دادند که با بوت استرپ ۱۰۰ درصد در یک گروه خواهری 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 خواهری 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.

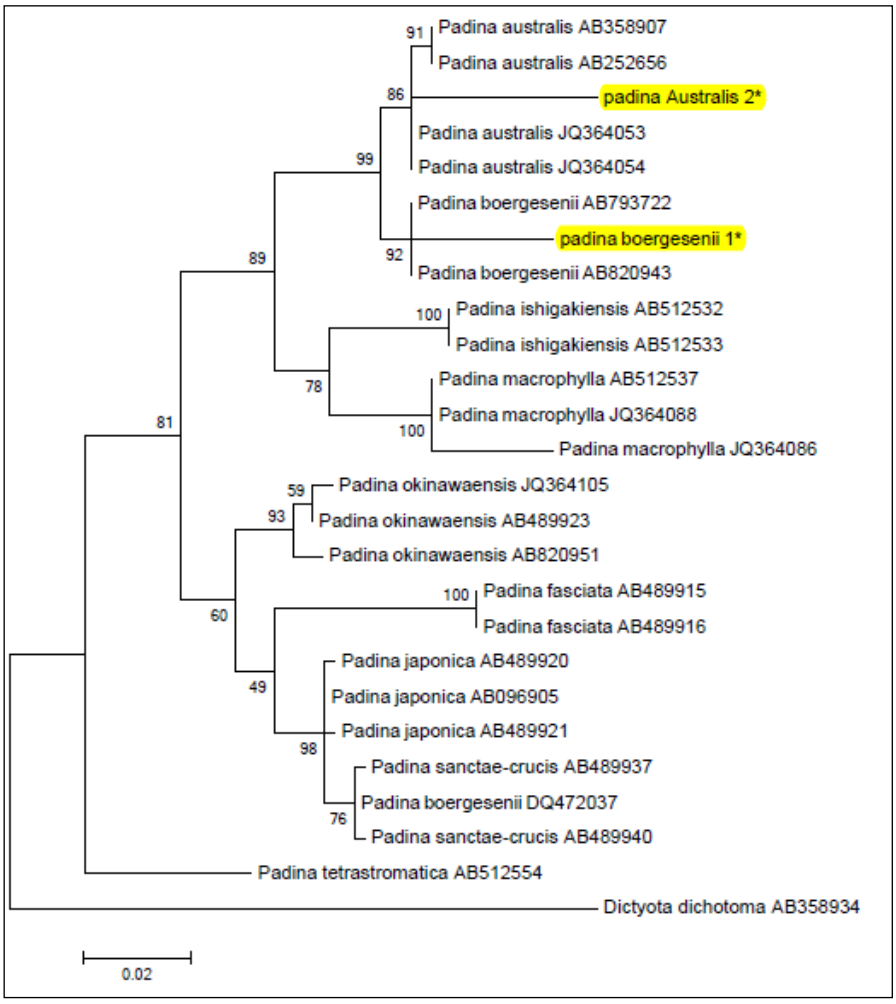
از سوی دیگر، گونه *P. australis* خلیج فارس با گونه‌های *P. australis* فرانسه (JQ364054, JQ364053) در یک کلاد قرار گرفتند. *P. australis* شناسایی شده در تحقیق حاضر، طول شاخه بزرگتری را نشان دادکه بیانگر واگرایی بیشتر این گونه نسبت به سایر گونه‌های کلاد است (شکل۳ و ۴). گونه *P. boergessenii* خلیج فارس با گونه ایران (AB793722) و ژاپن (AB820943) در یک کلاد قرار گرفتند که این گونه نیز واگرایی بیشتری نسبت به سایر گونه‌های کلاد دارد (شکل ۱ و ۲).

۴. بحث و نتیجه گیری

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



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 پررنگ نشان‌داده‌شده‌است.



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 نشان‌داده‌شده‌است.

منابع

De Clerck, O., Leliaert, F., Verbruggen, H., Lane, CE. De Paula, J.C., Payo, D.A., Coppejans, E. 2006. A revised classification of the Dictyoteae (Dictyotales, Phaeophyceae) based on rbcL and 26S ribosomal DNA sequence analyses1. 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 (rcbL gene). J. of Tech. 64: 29–33.

Gherinjak, BM., 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.

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., Reviers, 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., Nejadsatari, 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., Gaviro, C. 1997. Field guide and atlas of the seaweed recourses 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[1], BitaArchangi[1*], Sadroddin Ghaemmaghami[1] ,Hosein Zolgharnein[1], Kmal Ghanemi [2]

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