

دراسة التباين الوراثي لأسماك الناجل
(فاولر، ١٩٠٤) على الساحل السعودي للبحر الأحمر

إعداد: رمزي سليمان مضحي الجحدلي

بإشراف: الدكتور وليد بن يوسف غرباوي

المستخلص

تم تصميم العمل الحالي بهدف دراسة التباينات الجزيئية بين بعض عشائر أسماك الناجل (*Plectropomus pessuliferus*, Fowler, 1904) التي تم تجميعها من مناطق مختلفة من البحر الأحمر- المملكة العربية السعودية باستخدام اثنتين من التقنيات المعملية وهما التحديد الجزيئي لبعض تتابعات جين سيتوكروم اوكسيداز ١ (COXI) Cytochrome Oxidase I وتقنية Restriction site associated DNA markers (RAD). تم حساب المحتوى النيوكلوتيدي (أدينين، ثيامين، جوانين، سيتوسين) لكل تتابع من العينات موضع الدراسة وقد اظهرت النتائج تطابق (Blast) لجزء محدد من التتابع الجيني لجميع العينات من نفس النوع *Plectropomus pessuliferus* (الناجل) بنسبة ١٠٠ % واختلافاً مع النوع الأقرب وهو *Plectropomus laevis* بنسبة ٩٩ % مع وجود ستة اختلافات نيوكلوتيدية محددة. وتعتبر هذه النتائج نواه لعمل DNA barcoding لمعرفة الفروق المحددة بين الأنواع المتقاربة وتم كذلك تحديد علاقات القرابة التطورية بين العينات موضع الدراسة. ولقد أظهرت تقنية مواضع القطع المتضمنة واسمات للمادة الوراثة (RAD) أن عدد الواسمات الوراثة على مستوى النيوكلوتيدة الواحدة يتراوح بين ١٩٤ إلى

١٦١٢٠ ويمكن استنتاج أن الأسماك موضع الدراسة يوجد فيما بينها تدفق جيني عالي القيمة نظراً لطبيعتها المهاجرة.

A STUDY ON GENETIC VARIATION OF *Plectropomus pessuliferus* (FOWLER, 1904) FROM RED SEA COAST OF SAUDI ARABIA

BY: Ramzi Suliman Al-Jahdali

**Supervised By
Dr. Waleed Yousef Gharbawi**

ABSTRACT

The present study was designed for studying molecular variations among some *Plectropomus pessuliferus*, (Fowler, 1904) populations (collected from different Red Sea locations, (KSA) using two techniques, Cytochrome Oxidase I subunit 1 gene (*COXI*) and Restriction site associated DNA markers (RAD). The nucleotide compositions (A, T, G and C) for each evaluated *CoxI* gene fragments were calculated comparing sequences of our samples with gene bank using Blast, showed 100% similarity with *Plectropomus pessuliferus* and with 99% similarity with *Plectropomus laevi* with 6 (SNPs) differences between the two types. This result could be a base for DNA barcoding to differentiate between species. The relationships among estimated fish samples were reconstructed. Based on RAD technique, the number of SNPs was ranged from 194 to 16120. The previous results showed that the gene flow (due to migrations) value among estimated populations was high.