الهوية الوراثية لبعض أنواع أسماك الحريد فى البحر الأحمر

محمد على أحمد المطرى

اشراف

د. ياسر محمد سعد **أ.د. اسامه بن عبد الله ابوزناده**

المستخلص

تم استنباط بعض الواسمات الجزيئية (التتابعات المتكررة المتضمنة و تحديد التتابعات لبعض تتابعات المادة الوراثية لجين تى إم أو ٤سي٤) لتحديد الهوية الوراثية وإعادة رسم علاقات القرابة التطورية بين بعض أسماك الحريد (*Leptoscarus vaigiensis*=CR-CQ، *Cetoscarus bicolor* = CI ، *Calotomus carolinus* = CV، *Scarus niger* = YSC، *Scarus ferrugineus* = YSE) والتى تم تجميعها من البحر الاحمر المملكة العربية السعودية. وتم حساب قيم التشابه وعدم التشابه بين عينات الاسماك موضع الدراسة وكانت نسب الحزم متعددة المظهر ٤٢٪, ٨٪, ١١,٥٪, ١٥,٥٪, ٢٨٪ من العينات السمكية والتى يرمز لها بالرموز CR-CQ, CI, CV, YSC, YSE على التوالي. وكذلك تم حساب محتوى النيوكليتدات للشظية المدروسة من جين (تي إم أو٤سي٤) فتم تحديد عدد ٦٣ موقع متغير و٦٨ طفرة في المنطقة المدروسة من هذا الجين. بالإضافة إلى انه كان محتوى السيتوزين والجوانين يتراوح ما بين ٤٤,٤٪ إلى ٤٨,١٪ على التوالي, وكذلك محتوى الجوانين سيتوزين ٣ يتراوح ما بين ٣٥,١٪ إلى ٣٦,٦٪. وأظهرت النتائج أن اقل قيم للمسافات الوراثية التى تم حسابها بين العينات كانت بين YSC, YSE وعامة فإن نتائج الدراسة زادت من معلوماتنا العلمية حول التنوع الحيوي في الاسماك موضع الدراسة. وتحتاج المصادر الوراثية من اسماك الحريد لمزيد من الدراسات (متضمنة الدراسات الجزيئية) لعمل توصيف جيد وادارة جيده لتلك المصادر. وتوصى الدراسة بعمل وحدة بحثية متخصصه في الادارة الجيدة لتلك المصادر.

Genetic signature of some parrotfish species in the Red sea

By

Mohammed Ali Ahmed EL-Matry

Supervisors

Dr. Yasser Mohamed Saad **Prof. Dr. Osama A. H. Abuzinadah**

ABSTRACT

Some molecular markers (Inter simple sequence repeats or ISSR and Sequencing of some *TMO-4C4* gene fragments) were developed to detect genetic signature and re-construct the phylogenetic relationships among some parrotfish species (**CR-CQ** = *Leptoscarus vaigiensis*, **CI**= *Cetoscarus bicolor*, **CV**= *Calotomus carolinus*, **YSC**= *Scarus niger*, **YSE**= *Scarus ferrugineus*) collected from the Red Sea, KSA. Genetic similarity and dissimilarity values among applied fish samples were calculated. The percentages of polymorphic bands were 42%, 8%, 11.5%, 15.5% and 28% in CR-CQ, CI, CV, YSC and YSE samples respectively. The evaluated *TMO-4C4* gene nucleotide contents were calculated. A number of 63 polymorphic sites and 68 mutations were detected in the selected *TMO-4C4* gene region. In addition, the GC contents (form 44.4% to 48.1%) and GC_3 contents (from 35.1% to 36.6%) were calculated. The lowest genetic distance value was calculated between YSE and YSC fish species. The study outputs increased our scientific information about the parrotfish biodiversity in the Red sea, Saudi Arabia. Parrotfish genetic resources (in the Red Sea) needs more biological studies including molecular characterization for characterization and good management. Construction of research unit at KAU for Red Sea fish management was recommended.