

## بررسی ساختار جمعیتی ماهی یال اسبی سر بزرگ (*Trichiurus lepturus*) با استفاده از روش‌های ریخت‌شناسی و ریزماهورها در خلیج فارس و دریای عمان

احسان اسفندیاری<sup>۱</sup>، محمدعلی سالاری علی‌آبادی<sup>۲\*</sup>، نسرین سخایی<sup>۳</sup>، تورج ولی‌نسب<sup>۴</sup>، جواد حسینی<sup>۵</sup>

۱- دانشجوی دکتری گروه زیست‌شناسی دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، پست الکترونیکی: [ehesfandiari@yahoo.com](mailto:ehesfandiari@yahoo.com)

۲- دانشیار گروه زیست‌شناسی دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، پست الکترونیکی: [salari@kmsu.ac.ir](mailto:salari@kmsu.ac.ir)

۳- استادیار گروه زیست‌شناسی دریا، دانشکده علوم دریایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر، پست الکترونیکی: [n.sakhaie@kmsu.ac.ir](mailto:n.sakhaie@kmsu.ac.ir)

۴- استاد مؤسسه تحقیقات شیلاتی کشور، تهران، پست الکترونیکی: [t\\_valinassab@yahoo.com](mailto:t_valinassab@yahoo.com)

۵- استادیار پژوهشکده خلیج فارس، بوشهر، پست الکترونیکی: [j.hoseini@yahoo.com](mailto:j.hoseini@yahoo.com)

تاریخ پذیرش: ۹۶/۲/۳

\* نویسنده مسوول

تاریخ دریافت: ۹۵/۹/۱

### چکیده

در مقاله حاضر ۳۱۰ نمونه از گونه ماهی یال اسبی سر بزرگ در مناطق آبهای چابهار، شرق تنگه هرمز، غرب تنگه هرمز و آبهای بوشهر با استفاده از روش ترال، صید شدند و مورد تجزیه و تحلیل‌های ریخت‌شناسی و ریزماهورهای قرار گرفتند. با استفاده از نرم‌افزارهای SPSS، نسخه ۲۰ و Primer، نسخه ۵، صفات ریختی تجزیه و تحلیل شدند و میزان شباهت جمعیت‌ها و افراد مشخص گردیدند. در بررسی ریزماهورها میانگین شمار آلل به ازای جمعیت، ۷/۰۰ مشاهده شد. همچنین شمار آللی به ازای جایگاه آللی، ۱۵-۳ آلل بدست آمد و با میانگین ۷/۱۷ و میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به ترتیب ۰/۳۲ و ۰/۷۵ بود. از ۷ جایگاه بررسی شده، ۶ جایگاه از ترازمندی هاردی-واینبرگ انحراف داشتند. بیشترین مقدار Fst بر اساس آزمون AMOVA بین جمعیت غرب تنگه هرمز با جمعیت مربوط به آبهای چابهار ۰/۱۴۵ و کمترین Fst در بین جمعیت‌های آبهای بوشهر و آبهای چابهار ۰/۰۹۵ بوده است.

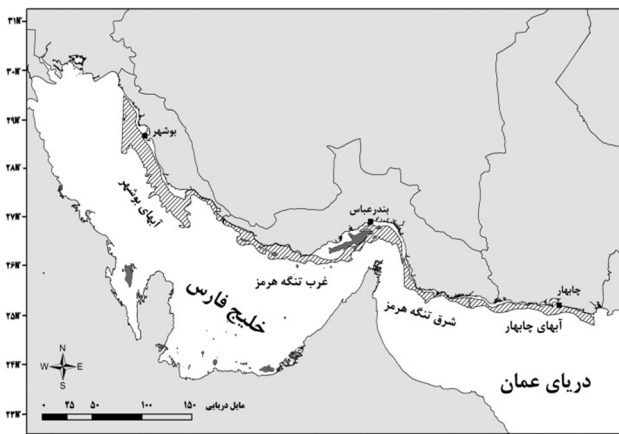
کلمات کلیدی: ماهی یال اسبی سر بزرگ، ریخت‌شناسی، ریزماهور، ساختار جمعیت، خلیج فارس و دریای عمان.

### ۱. مقدمه

بازسازی گونه‌های در معرض خطر و بهبود ذخایر پرورشی دارد. بر همین اساس، زیست‌شناسان و مدیران نیازمند ارزیابی و پایش همیشگی تمایز ژنتیکی درون گونه‌ای و میان گونه‌ای منابع زیستی ماهیان و دیگر آزیان در هر کشور هستند (Allendorf and Utter, 1979). با توجه به اهمیت اقتصادی و ارزش غذایی ماهی

جهت نیل به اهداف توسعه پایدار مبتنی بر دریا، ارزیابی گوناگونی و ساختار ژنتیکی ذخایر ماهیان اهمیت فراوانی از دیدگاه بوم‌شناسی و همچنین در مدیریت برداشت، نگاهبانی و

اندازه‌گیری‌های ریخت‌شناسی وزن کل نیز با استفاده از ترازوی دیجیتال با دقت ۱ گرم سنجیده شد. بیشتر اندازه‌گیری‌های طولی در راستای محور جلویی - پشتی بدن ماهی انجام گرفت. فاصله بین دو چشم در راستای محور عمود بر محور گفته شده اندازه‌گیری شد. آزمون‌های آنالیز واریانس تک متغیره و چند متغیره برای آزمودن اختلاف‌های ریخت‌شناختی بین جمعیت‌ها و همچنین کمینه، بیشینه، میانگین و انحراف استاندارد ویژگی‌های ریخت‌شناختی با بکارگیری نرم‌افزار SPSS، نسخه ۲۰/۰ انجام گرفت. برای رسم نمودار خوشه‌ای اختلاف و میزان شباهت کلیه نمونه‌های صید شده بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناختی از نرم‌افزار Primer، نسخه ۵ استفاده شد. در این نرم‌افزار ابتدا شباهت نمونه‌ها با توجه به داده‌های ریخت‌شناسی محاسبه و سپس نمودار خوشه‌ای بر مبنای فاصله اقلیدسی رسم شد.



شکل ۱: موقعیت مناطق نمونه‌برداری در شمال خلیج فارس و دریای عمان

استخراج DNA از ماهی یال اسبی سر بزرگ به روش بهینه شده CTAB انجام گردید (شادی و همکاران، ۱۳۹۳). جهت تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراج شده و تعیین غلظت و خلوص DNA استخراجی از روش‌های اسپکتروفتومتری و الکتروفورز استفاده شد. طراحی آغازگرهای ریزماهوره‌ای براساس ترادف DNA ژنومی ماهی یال اسبی سر بزرگ *Trichiurus lepturus* توسط An و همکاران (۲۰۱۰) و Yang و همکاران (۲۰۰۷) صورت گرفت. مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در ماهی اسبی سر بزرگ در جدول ۱ آمده است.

یال اسبی سر بزرگ *Trichiurus lepturus* و همچنین با توجه به افزایش روزافزون جمعیت، بهره‌برداری از منابع پروتئینی دریا، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. لذا ماهیان، که نقش مستقیم در بهره‌برداری پایدار از دریا و نقش مهمی در زندگی ساحل نشینان دارند، جایگاه ویژه‌ای را به خود اختصاص داده‌اند. به همین دلیل شناسایی دقیق تاکسونومی، فیزیولوژی و زیست‌شناسی این موجود برای مدیریت ذخایر آن، لازم می‌باشد تا ذخایر طبیعی آن، از طریق جمع‌آوری بیش از اندازه، به خطر نیفتد.

ماهی یال اسبی سر بزرگ دارای بدنی کشیده و نواری، دهان بزرگ با موقعیت بالایی و دندان‌های تیز و بلند، چشم‌های بزرگ، رنگ بدن نقره‌ای و یا نقره‌ای تیره (در هنگام زندگی در عمق زیاد) می‌باشد. باله‌های شکمی و دمی این ماهی تحلیل رفته و باله پشتی ممتد در طول بدن است. باله سینه‌ای کوچک و باله پشتی از بالای سر شروع شده و تا باله دمی امتداد دارد و با آن ادغام می‌گردد و باله دمی کم کم کوچک شده و به یک نقطه ختم می‌شود. بدن فاقد فلس است.

## ۲. مواد و روش‌ها

بر اساس اطلاعات بوم‌شناختی و پراکنش ماهی یال اسبی سر بزرگ، نمونه‌برداری از ۲ منطقه از خلیج فارس و ۲ منطقه از دریای عمان انجام شد (شکل ۱). صید نمونه‌های دریای عمان (آب‌های چابهار [منطقه ۱] و شرق تنگه هرمز [منطقه ۲]) با استفاده از کشتی تحقیقاتی فردوس ۱ متعلق به مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور و در غرب تنگه هرمز [منطقه ۳] با استفاده از شناور شانک صورت گرفت. نمونه‌های آب‌های بوشهر [منطقه ۴] نیز از صیادان محلی تأمین گردیدند. در پاییز ۱۳۹۲، از هر منطقه بین ۴۹ تا ۱۰۹ نمونه و در مجموع ۳۱۰ نمونه به روش صید ترال، گردآوری شدند و برای بررسی‌های بعدی به آزمایشگاه منتقل شدند. به منظور بررسی‌های ژنتیکی از هر نمونه، قطعه‌ای ۲ تا ۳ گرمی از بخش باله پشتی جدا شده و در اتانول ۹۶٪ برای استخراج DNA نگهداری گردیدند. از هر منطقه ۲۸ نمونه برای بررسی‌های ریزماهوره‌ای در نظر گرفته شدند.

برای ارزیابی تمایزهای ریخت‌شناختی، ۱۱ ویژگی ریخت‌سنجی با استفاده از کولیس با دقت ۰/۱ میلی‌متر و از سمت چپ نمونه‌ها انجام گرفت (Kottelat, 1990). علاوه بر

### ۳. نتایج و بحث

#### ۱-۳ نتایج بررسی‌های ریخت‌سنجی

نمونه‌های گردآوری شده از نظر ویژگی‌های ظاهری بررسی شدند. نمونه‌ها در مناطق چابهار، غرب تنگه هرمز و آب‌های بوشهر دارای ویژگی‌های ظاهری و رنگ‌بندی همانندی بودند. ولی در ایستگاه شرق تنگه هرمز که نمونه‌ها از صیدگاه فانوس‌ماهیان (Myctophidae) از اعماق ۲۵۰ تا ۳۰۰ متری صید شده بودند و از ذخایر مهم غذایی دریا هستند (بحری و همکاران، ۱۳۹۴) که یال اسبی ماهیان از آنها تغذیه می‌نمایند، رنگ تیره‌تر داشتند (شکل ۲).



شکل ۲: نمونه‌های ماهی یال اسبی سر بزرگ از آب‌های بوشهر (شماره ۱) و شرق تنگه هرمز (شماره ۲)

با توجه به آزمون ANOVA می‌توان گفت که اختلاف قابل توجهی میان میانگین تمامی متغیرها در بین چهار مکان غرب تنگه هرمز، آب‌های چابهار، آب‌های بوشهر و شرق تنگه هرمز وجود دارد (جدول ۲).

جدول ۲: میانگین متغیرهای ریخت‌سنجی در مناطق مختلف نمونه‌برداری

منطقه	آب‌های چابهار	شرق تنگه هرمز	غرب تنگه هرمز	آب‌های بوشهر	P-Value	F-Value	درجه آزادی
طول کل (cm)	۷۸/۱۶۳۰	۸۵/۷۱۴۳	۷۶/۸۳۳۹	۸۱/۷۱۹۲	۰/۰۰۰	۶/۵۵۶	۳۰۹
وزن کل (g)	۳۴۲/۵۰۰۰	۴۰۸/۸۷۷۶	۴۲۶/۴۶۴۶	۵۰۵/۱۹۲۳	۰/۰۰۰	۱۱/۳۱۳	۳۰۹
طول سر (mm)	۱۱۶/۴۲۲۵	۱۱۹/۵۲۹۶	۱۱۶/۸۲۷۱	۱۲۲/۵۶۶۹	۰/۰۰۴	۴/۵۹۱	۳۰۹
طول باله پشتی (cm)	۶۰/۰۵۱۰	۶۶/۲۳۸۸	۵۸/۳۷۹۸	۶۵/۰۶۳۵	۰/۰۰۰	۹/۶۳۸	۳۰۹
طول سر تا مخرج (cm)	۲۹/۰۷۲۰	۳۲/۹۹۵۹	۲۹/۸۳۷۲	۳۱/۶۲۹۰	۰/۰۰۴	۶/۰۲۲	۳۰۹
طول پیش چشمی (mm)	۴۲/۱۱۱۷	۴۷/۵۱۴۳	۳۷/۷۹۶۷	۴۸/۳۲۹۶	۰/۰۰۰	۳۷/۷۱۹	۳۰۹
طول پشت چشمی (mm)	۵۶/۸۴۹۹	۶۴/۳۱۴۳	۵۸/۵۹۲۰	۵۹/۹۳۰۶	۰/۰۰۱	۵/۳۰۹	۳۰۹
قطر چشم (mm)	۲۰/۲۸۷۸	۲۱/۱۴۵۵	۱۸/۴۲۱۷	۱۸/۲۳۶۹	۰/۰۰۰	۶/۷۴۴	۳۰۹
فاصله دو چشم (mm)	۱۴/۰۴۴۳	۱۶/۵۹۱۶	۱۶/۲۴۴۸	۱۶/۴۴۷۹	۰/۰۰۰	۱۲/۵۱۰	۳۰۹
ارتفاع بدن (mm)	۴۷/۹۳۲۱	۵۵/۵۷۴۱	۵۱/۴۶۲۵	۵۴/۷۹۴۴	۰/۰۰۰	۸/۹۴۸	۳۰۹
طول پیش سینه‌ای (mm)	۱۰۷/۰۱۱۴	۱۱۷/۱۰۷۱	۱۰۴/۶۱۷۴	۱۱۱/۹۰۶۰	۰/۰۰۳	۴/۷۱۳	۳۰۹

جدول ۱: جایگاه‌های ریز ماهواره مورد بررسی و ویژگی‌های متناظر با آنها

تکرار موتیف	توالی آغازگر	لوکوس
(TG)30	F: CACAGAGACCTGGTAGACG R: TTTAAGTTCCCAAGAGAGCAG	KTh1B
(TG)44(TGCG)9	F: AACACATGCACACCAAACCTC R: GGCTCTAAGTCACCCATAATG	KTh5
(TG)11	F: CACTCTAACGTGACTGGACAA R: ATGTATCGTCACCACAAACTG	KTh11A
(TG)5GG(TG)27	F: CACTGCTGGACGACACTG R: CCTCTAGCAGAAGCACATAC	KTh13B
(TG)5TT(TG)4TT (TG)11TT(TG)8- (TG)12	F: TTGAAGAATCAGGGAGAGAAC R: CCTGCCTCCAGAGACAGT	KTh16
(CA)13CG(CA)4	F: ATAAAAGAAGAAACCCATCCC R: CGAGCCACATCACATCACTA	KTh32
(GT)38	F: CCGGTTCTGACTCTTCTC R: GGTCATTTACAACCCAAGT	Tna16

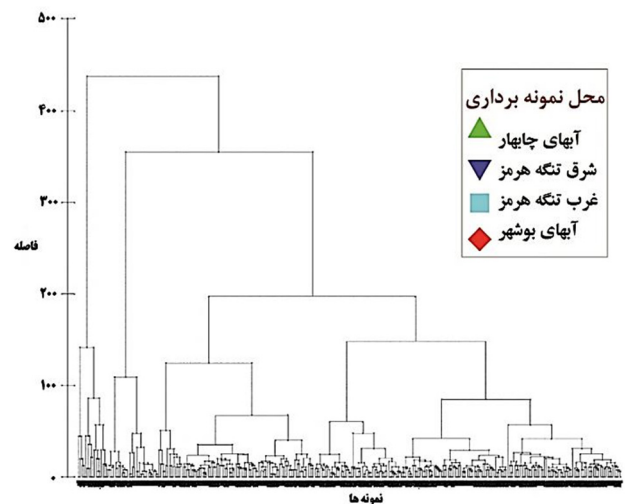
برای تکثیر ژن هدف، ۱۰۰ نانوگرم از DNA استخراجی، ۱ میکرولیتر از آغازگرها (۱۰ پیکومول) به علاوه ۰/۷ میکرولیتر dNTP (۱۰ میلی‌مولار)، ۰/۳ میکرولیتر Taq (5u/μ)، ۲ میکرولیتر بافر PCR (X10)، ۱ میکرولیتر MgCl<sub>2</sub> (۵۰ میلی‌مولار) استفاده شد که در نهایت حجم آن با آب مقطر به ۲۵ میکرولیتر رسانده شد. واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرازی برای همه آغازگرهای مورد بررسی با بکارگیری چرخه دمایی اختصاصی و در دمای ویژه هر آغازگر در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر انجام گرفت.

پس از مشاهده و تایید محصول PCR روی ژل آگاروز، اندازه قطعات حاصل با استفاده از ژل اکرلامید ۸٪ و مقایسه با نشانگر ۵۰ جفت بازی انجام شد. سنجش وزن ملکولی نوارهای محصول PCR، اندازه آلل‌ها و تعیین ژنوتیپ با استفاده از نرم‌افزار GelAnalyzer2010a و با بکارگیری تصاویر گرفته شده از ژل پلی اکرلامید رنگ‌آمیزی شده، انجام شد. در هر ژنوتیپ، وجود یک نوار نشان‌دهنده هموزیگوسیتی و دیدن دو نوار هتروزیگوسیتی به شمار می‌رود. در بررسی کنونی، تعداد آلل در هر جایگاه ژنی، غنای آللی، فراوانی آللی، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و مشاهده شده (Ho)، شمار آلل‌های واقعی و موثر در جمعیت‌ها، آلل‌های اختصاصی در جایگاه‌های ریزماهواره‌ای، همچنین نحوه پراکنش گوناگونی مشاهده شده و تمایز بین مناطق بر اساس مدل آللی بی‌نهایت (Fst) با استفاده از آنالیز واریانس ملکولی (AMOVA) در سطح احتمال ۰/۰۰۱، ماتریس شباهت ژنتیکی و تعادل هاردی-واینبرگ و نشانگر اطلاعاتی با بکارگیری نرم‌افزار GeneAlex، نسخه ۳،۳، محاسبه گردیدند (Peakall and Smouse, 2005).

بررسی این ویژگی‌ها در تمایز ذخایر به هیچ وجه نبایستی دست کم گرفته شود، زیرا این ویژگی‌ها دارای اهمیت فرگشتی هستند و نشانگرهای سازگاری با محیط زیست خود به شمار می‌آیند. بر اساس مطالعات Schaefer (۱۹۹۱)، ناهمگونی ریختی را در جمعیت‌های تون باله زرد (*Thunnus albacores*) در اقیانوس هند بر پایه ویژگی‌های ریخت‌سنجی و شمارش خارهای آبششی گزارش کرد. Elliott و همکاران (۱۹۹۵) همبستگی بین اختلاف ریختی و جدایی جغرافیایی جمعیت‌های *Hoplostethus atlanticus* را در جنوب استرالیا نشان دادند. تفاوت‌های ریخت‌سنجی بین جمعیت‌های آبهای کم ژرف و عمیق ماهی *Urophycis tenuis* گزارش شده است (Hurlbut and Clay, 1998). جدایی ریخت‌شناختی در جمعیت‌های ماهیان مصبی که از نظر جغرافیایی کاملاً جدا نیستند نیز گزارش شده‌است؛ که می‌توان این برداشت را داشت که جدایی بخشی و جزئی نیز می‌تواند نقش مهمی را در زیربخش‌های جمعیت‌ها دارا باشند. Roby و همکاران (۱۹۹۱) جدایی ریخت‌شناختی جمعیت‌های *Mallotus villosus* را در مصب و خلیج St. Lawrence مشاهده نمودند.

در مطالعه حاضر نتایج حاصل از تحلیل واریانس یک طرفه درباره صفات‌های ریخت‌سنجی مورد بررسی در بین نمونه‌ها دارای تفاوت معنی‌داری بود که این امر نشان‌دهنده وجود تنوع بالای فنوتیپی بین ماهیان یال اسبی سر بزرگ در مناطق مورد مطالعه می‌باشد. با این حال بررسی کنونی، کارایی شیوه‌های چند متغیره ریخت‌شناختی را برای تمایز ماهی یال اسبی سر بزرگ نشان داد. اگر چه اثبات دلایل اصلی تمایزهای ریختی برآورد شده نیازمند بررسی‌های بیشتر با طراحی نمونه‌برداری دقیق و مناسب، در کنار بررسی ویژگی‌های کیفی آب، می‌باشد. بر اساس نتایج بدست آمده از نمودار خوشه‌ای بر پایه فاصله اقلیدسی و شباهت نمونه‌ها بر پایه صفات ریخت‌شناسی، هیچ شاخه‌ای متمایز کننده نمونه‌های یک منطقه از دیگر مناطق نمی‌باشد. نمونه‌های شرق تنگه هرمز و غرب تنگه هرمز تا حدودی از هم تفکیک یافته‌اند، ولی به طور کلی هیچ شاخه‌ای نماینده یک منطقه خاص نمی‌باشد و بر پایه ویژگی‌های ریختی بررسی شده، فنوتیپ‌های مشابه در مناطق مختلف پراکنده شده‌اند. از آنجا که ضریب تغییرات در ایستگاه‌های نمونه‌برداری شده پایین بود می‌تواند برداشت نمود که نمونه‌های با ویژگی‌های ریختی تا حدودی مشابه در هر منطقه وجود دارند.

بر اساس نمودار خوشه‌ای میزان شباهت افراد بر پایه صفات ریخت‌شناسی (شکل ۳) الگوی مشخصی در قرارگیری افراد در خوشه‌ها مشاهده نگردید ولی تا حدودی نمونه‌های شرق تنگه هرمز و غرب تنگه هرمز بیشترین فاصله را با هم داشتند و بیشترین افراد این دو منطقه در دو سمت متفاوت نمودار قرار گرفتند. دیگر افراد از جمعیت‌های مختلف در بین خوشه‌ها پراکنده شدند.



شکل ۳: نمودار خوشه‌ای فاصله کلیه افراد در چهار منطقه بر اساس شباهت صفات ریخت‌شناسی

بیشترین طول کل مشاهده شده در این بررسی ۱۰۳/۵۰ سانتیمتر بود که از بیشترین طول کل گزارش شده (۲۱۳ سانتیمتر) (Chen and Lee, 1982). ۱۰۹/۵ سانتیمتر کمتر بود. رنگ‌بندی ماهیان به اندازه زیادی مشابه بود، اگر چه شدت رنگ در نمونه‌های مناطق مختلف متفاوت بود، اما هیچ نمونه‌ای دارای نقاط مشخص نبود. نمونه‌های صید شده از منطقه شرق تنگه هرمز دارای رنگ بدن کمی تیره بودند که دلیل آن می‌تواند سازگاری جهت زندگی در عمق زیاد باشد. با این حال آنالیزهای واریانس تک متغیره ANOVA نشان دادند که همه ویژگی‌های ریخت‌سنجی بررسی شده دیگر، دارای اختلاف بسیار معنی‌داری بین مناطق مختلف هستند. که همه اینها نشان از تنوع و گوناگونی بالای ریخت‌شناختی این ماهی در مناطق مورد بررسی دارد. گمان می‌رود ویژگی‌های ریخت‌سنجی انعطاف‌پذیری زیادی از خود نشان دهند. این ویژگی‌ها متأثر از عوامل محیطی نیز می‌باشند. بنابراین تمایز ذخایر بر پایه ویژگی‌های ریخت‌سنجی ممکن است روش بسیار دقیقی به نظر نیاید، ولی در هر حال اهمیت

ژنتیکی این گونه در مناطق مختلف نمونه‌برداری می‌باشد. An و همکاران (۲۰۱۰) نیز نشان دادند که در ماهیان یال اسبی سر بزرگ در کره میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده به ترتیب برابر با ۰/۸ و ۰/۸۲ بود. Yang و همکاران (۲۰۰۷) نیز در مطالعه ماهی یال اسبی سر بزرگ نشان دادند که هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده به ترتیب برابر با ۰/۸۴ و ۰/۷۱ بود که نظیر مطالعه حاضر کاستی هتروزیگوسیتی یا به بیان دیگر، بیشتر بودن مقادیر He نسبت به Ho وجود دارد که با نتایج این بررسی مطابقت دارد. در بررسی میزان انحراف از ترازمندی هاردی-واینبرگ بر پایه آزمون مربع کای در سطح ۰/۰۰۱ بیشتر جایگاه‌ها دارای انحراف معنی‌داری از این تراز بودند فقط لوکوس kth13 از آب‌های غرب تنگه هرمز انحراف معنی‌دار نداشت و در تعادل بود.

نتایج Fst نشان می‌دهد بیشترین مقدار آن (۰/۴) می‌باشد که در kth1 مشاهده شده است و کمترین مقدار مربوط به لوکوس tna 16 و برابر ۰/۰۵۱ می‌باشد. میزان Fst بین جمعیت‌ها نیز برآورد شده است و مقادیر به دست آمده نشان می‌دهد که بیشترین مقدار Fst بر اساس آزمون مولکولی AMOVA در بین آب‌های غرب تنگه هرمز با جمعیت آب‌های چابهار (۰/۱۴۵) و کمترین در بین جمعیت‌های جدا شده از آب‌های بوشهر و چابهار (۰/۰۹۵) بوده است. از آنجا که Fst بیشتر از ۰/۲۵ نشان از جدایی کامل جمعیت‌ها از یکدیگر دارد، می‌توان نتیجه گرفت که جدایی کامل بین جمعیت‌ها صورت نگرفته است. بیشترین شباهت ژنتیکی (۰/۶۰۹) و کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۴۹۵) بین نمونه‌های آب‌های بوشهر و غرب تنگه هرمز برآورد گردید. همچنین کمترین شباهت (۰/۳) و بیشترین فاصله ژنتیکی (۱/۲۰۵) بین نمونه‌های آب‌های بوشهر و شرق تنگه هرمز مشاهده گردید.

در سنجش مناطق مورد بررسی، بیشترین شمار آلل دیده شده در شرق تنگه هرمز با ۷/۴۲ و کمترین آن در غرب تنگه هرمز با ۶/۱۴ دیده شد. همچنین بیشترین شمار آلل‌های مؤثر در شرق تنگه هرمز با ۵/۹۸ و کمترین میزان آن در آب‌های چابهار با ۴/۵۵ برآورد گردید. علت یا علت‌های کم بودن آلل‌ها در غرب تنگه هرمز را می‌توان به تخریب زیستگاهی و ویژگی‌های جغرافیایی مختلف غرب تنگه هرمز با دیگر مناطق و عدم تخریب زیستگاهی شرق تنگه هرمز نسبت به دیگر مناطق دانست.

در گذشته گمان بر این بود که تغییرات ریختی تنها ریشه در ژنتیک جانور دارد. اما امروزه روشن شده که منشأ این تغییرات هم محیطی و هم ژنتیکی است. پژوهش‌های اخیر مشخص کرده‌است که اختلافات ریخت‌شناسی بین گروه‌های مختلف ماهیان الزاماً آنها را از لحاظ ژنتیکی جدا نمی‌کند و در عوض در پاره‌ای از موارد تفاوت‌های ریخت‌شناسی، تنها ناشی از محیط بوده و اختلافات ژنتیکی هیچ نقشی در آن ندارد (Swain and Foote, 1999). بدین ترتیب نقش محیط به عنوان عامل اصلی تغییرات ریختی به اثبات رسیده است.

### ۳-۲ نتایج بررسی‌های ریزماهور

میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده در بین ۴ جمعیت مورد مطالعه از ۰ تا ۱ با میانگین ۰/۳۲ بود که بیشترین هتروزیگوسیتی در kth11 در آب‌های شرق تنگه هرمز مشاهده شد و کمترین هتروزیگوسیتی مربوط به kth5 در آب‌های چابهار و غرب تنگه هرمز و شرق تنگه هرمز، kth1 در آب‌های شرق تنگه هرمز و لوکوس kth11 و kth13 در آب‌های بوشهر بود که بیشترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در آن‌ها صفر بود. بیشترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در بین جمعیت‌های به هم مربوط به نمونه‌های گرفته شده از آب‌های شرق تنگه هرمز و کمترین مربوط به آب‌های بوشهر می‌باشد. بیشترین مقدار این نمایه مربوط به لوکوس tna16 در آب‌های شرق تنگه هرمز و کمترین آن مربوط به kth1 آب‌های شرق تنگه هرمز می‌باشد. با مقایسه نمایه شانون در بین جمعیت‌های مختلف مشخص گردید که نمونه‌های آب‌های بوشهر با داشتن نمایه‌ی بیشتر دارای بیشترین هتروزیگوسیتی می‌باشند و غرب تنگه هرمز دارای کمترین هتروزیگوسیتی می‌باشند.

دامنه هتروزیگوسیتی برآورد شده (He) بین ۰ تا ۰/۹۲۱ با میانگین ۰/۷۵ بود. جایگاه tna 16 بیشترین میانگین هتروزیگوسیتی (۰/۸۸) مورد انتظار را داشت و جایگاه kth1 دارای کمترین میانگین هتروزیگوسیتی (۰/۵۵) برآورد شده بود. کمترین مقدار هتروزیگوسیتی برآورد شده صفر بود که مربوط به جایگاه kth1 در نمونه‌های گردآوری شده از غرب تنگه هرمز و بیشترین آن ۰/۹۲۱ مربوط به جایگاه tna 16 بود که در نمونه‌های شرق تنگه هرمز برآورد گردید. بالا بودن دامنه هتروزیگوسیتی مورد انتظار بیانگر سطوح بالای تنوع

#### ۴. نتیجه‌گیری

از دیدگاه ریخت‌شناسی و با توجه به آنالیزهای واریانس تک متغیره ANOVA همه ویژگی‌های ریخت‌سنجی بررسی شده، دارای اختلاف معنی‌داری بین مناطق مختلف بودند. که همه اینها نشان از تنوع و گوناگونی بالای ریخت‌شناختی این ماهی در مناطق مورد بررسی دارد. ولی در مجموع ویژگی ریخت‌شناسی خاصی که بتوان گفت در شناسایی و تمایز افراد گونه یال اسبی سر بزرگ در خلیج فارس و دریای عمان تأثیر زیادی دارد در این مطالعه مشخص نگردید. شاید دلیل اصلی این نتیجه‌گیری، ریخت‌شناسی خاص ماهی یال اسبی سر بزرگ و تحلیل رفتن بسیاری از اندام‌هایی باشد که در دیگر ماهیان جهت مطالعات ریخت‌سنجی کاربرد دارند. بر اساس نتایج بررسی‌های ریزماهواره‌ها و سنجش شاخص Fst جدایی کامل بین جمعیت‌ها صورت نگرفته است و اختلاف بین جایگاه‌ها مربوط به اختلاف بین خود نمونه‌ها است. می‌توان گفت که جریان ژنی بین جمعیت‌های مورد بررسی وجود دارد ولی در هر صورت بیشترین شباهت ژنتیکی بین نمونه‌های آب‌های بوشهر و غرب تنگه هرمز برآورد گردید که از نظر جغرافیایی نیز به هم نزدیکتر هستند و همچنین کمترین شباهت بین نمونه‌های به دست آمده از آب‌های بوشهر و شرق تنگه هرمز مشاهده گردید که فاصله جغرافیایی زیادی دارند.

#### منابع

بحری، ا.ه.؛ افخمی، م.؛ احسان پور، م.؛ مخلصی، ا.، ۱۳۹۴. فانوس ماهیان: ذخایر عظیم اسیدهای چرب در دریای عمان. نشریه علمی-پژوهشی اقیانوس‌شناسی. سال ششم، شماره ۲۱، صفحات ۱۷-۱۱.

خالدی، ه.؛ رضوانی گیل کلایی، س.؛ ذوالقرنین، ح.؛ سواری، ا.؛ صفاهیه، ع.، ۱۳۹۱. مطالعه تنوع ژنتیکی جمعیت ماهی راشگو معمولی *Eleutheronema tetradactylum* در خلیج فارس و دریای عمان به روش توالی‌یابی ژن 28SrRNA. مجله دامپزشکی ایران. دوره هشتم، شماره ۱، صفحات ۴۱-۳۳.

سالاری علی‌آبادی، م.ع.؛ رضوانی گیل کلایی، س.؛ سواری، ا.؛ ذوالقرنین، ح.؛ نبوی، م.ب.، ۱۳۸۷. مقایسه ژنتیکی جمعیت‌های ماهی سوکلای *Rachycentron canadum* خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از روش میکروستلایت. مجله علمی پژوهشی

سالاری علی‌آبادی و همکاران (۱۳۸۷) نیز در بررسی خود روی ماهی سوکلا و عابدی و همکاران (۱۳۹۰) در بررسی روی ماهی قباد، میانگین آللی را ۶/۶ گزارش نمودند و شادی و همکاران (۱۳۹۳) در بررسی ماهی شورت کمترین تعداد آللی در خلیج فارس و دریای عمان را در بندر دیر که متناظر با یکی از مناطق نمونه‌برداری در این مطالعه (غرب تنگه هرمز) بود به دست آوردند و یکی از دلایل احتمالی را تخریب زیستگاهی در بندر دیر به شمار آوردند.

در بررسی حاضر ۸ آلل اختصاصی مشاهده شد که ۲ آلل در جایگاه kth16، ۲ آلل در جایگاه kth1، ۳ آلل در جایگاه kth5 و یک آلل در جایگاه tna16 بود. ۴ آلل از آلل‌های اختصاصی مربوط به نمونه‌های شرق تنگه هرمز، دو آلل مربوط به آب‌های بوشهر و نمونه‌های آب‌های چابهار و غرب تنگه هرمز هر کدام یک آلل اختصاصی داشتند. خالدی و همکاران (۱۳۹۱) در بررسی خود روی ماهی راشگو، بیشترین شمار آلل اختصاصی را در خوزستان و هرمزگان بدست آوردند و احتمال دادند که بالا بودن شمار آلل‌ها به دلیل ویژگی‌های منطقه باشد.

سالاری علی‌آبادی و همکاران (۱۳۸۷) نیز در بررسی ریزماهواره‌ای خود بر روی ماهی سوکلا، ۵ آلل اختصاصی در بوشهر را گزارش نمودند. در بررسی حاضر بیشتر بودن آلل‌های اختصاصی در شرق تنگه هرمز را شاید بتوان به ویژگی‌های جمعیت و پویایی ژنتیکی نسبت داد، که موجب شده است جمعیت این ناحیه به سرعت توسعه یافته و آلل‌های جدید در میان جهش‌ها برخاسته‌اند و به طور کلی می‌توان آن را به وضعیت بوم‌شناختی مناسب‌تر شرق تنگه هرمز برای زیست گونه ماهی یال اسبی سر بزرگ نسبت داد. به نظر می‌رسد وجود این آلل‌ها با این حد فراوانی در این مطالعه نمی‌تواند نشانه محکمی برای جدایی جمعیت‌های مورد مطالعه باشد، هر چند تعداد نسبتاً بیشتر تعداد آلل‌های اختصاصی در منطقه شرق تنگه هرمز ایده جدایی نسبی آن جمعیت از دیگر جمعیت‌ها را مطرح می‌نماید. بر پایه معیار فاصله و شباهت ژنتیکی ( Nei et al., 1975) بیشترین شباهت ژنتیکی (۰/۶۰۹) و کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۴۹۵) بین نمونه‌های آب‌های بوشهر و غرب تنگه هرمز برآورد گردید که از نظر جغرافیایی نیز به هم نزدیکتر هستند. همچنین کمترین شباهت (۰/۳) و بیشترین فاصله ژنتیکی (۱/۲۰۵) بین نمونه‌های به دست آمده از آب‌های بوشهر و شرق تنگه هرمز مشاهده گردید که فاصله جغرافیایی زیادی دارند.

- Aquatic Sciences, 55: 2274-2282.
- Kottelat, M., 1990. Indochinese nemacheilines. A revision of nemacheiline loaches (Pisces: Cypriniformes) of Thailand, Burma, Laos, Cambodia and southern Vietnam. Dr. F. Pfeil, München, 262PP.
- Nei, M.; Maruyama, T.; Chakraborty, R., 1975. The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution*, 29(1): 1-10.
- Peakall, M.; Smouse, A., 2005. Gene Alex 6: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. The Australian national university, Canberra, Australia. 122PP.
- Roby, D.; Lambert, J.D.; Sevigny, J.M., 1991. Morphometric and electrophoretic approaches to discrimination of capelin (*Mallotus villosus*) populations in the estuary and Gulf of St. Lawrence. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 48: 2040-2050.
- Schaefer, K.M., 1991. Geographic variation in morphometric characters and gill raker counts of yellowfin tuna *Thunnus albacares* from the Pacific Ocean. *Fishery Bulletin U.S.*, 89: 289-297.
- Swain, D.P.; Foote, C.J., 1999. Stocks and chameleons: The use of phenotypic variation in stock identification. *Fisheries Research*, 43: 113-128.
- Yang, W.T.; Feng, F.; Yue, G.H., 2007. Isolation and characterization of microsatellites from a marine foodfish species ribbonfish *Trichiurus haumela*. *Molecular Ecology Notes*, 7(5): 781-783.
- شیلات. سال دوم، شماره اول، بهار ۸۷، صفحات ۱۷-۹.
- شادی، ا؛ ذوالقرنین، ح؛ سالاری علی آبادی، م.ع؛ نبوی، م.ب؛ رونق، م.ت.، ۱۳۹۳. ساختار ژنتیکی ماهی شورت در سواحل هرمزگان با استفاده از نشانگر ریزماهواره. *مجله علوم و فنون دریایی*. دوره ۱۳، شماره ۲، تابستان ۹۳، صفحات ۱۰-۱.
- عابدی، ا؛ محمدی، م؛ قاسمی، ا.، ۱۳۹۰. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های ماهی قباد *Scomberomorus guttatus* خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. *نشریه علمی-پژوهشی اقیانوس‌شناسی*. سال دوم، شماره ۶، صفحات ۲۱-۱۵.
- Allendorf, F.W.; Utter, F.M., 1979. Population genetics. In: *Fish Physiology*, Volume 8, pp. 407-454. W.S. Hoar, D.J. Randall, and J.R. Brett, editors. Academic Press, New York.
- An, H.S.; Lee J.H.; Noh, J.K.; Kim, H.C.; Park, C.J.; Min, B.H.; Myeong, J.I., 2010. Ten new microsatellite markers in cutlassfish *Trichiurus lepturus* derived from an enriched genomic library. *Animal Cells and Systems*, 14(3): 169-74.
- Chen, W.Y.; Lee, S.C., 1982. Age and growth of the ribbonfishes *Trichiurus* (Perciformes: Trichiuridae) of Taiwan. *Bulletin of the Institute of Zoology, Academia Sinica*, 21(1): 9-20.
- Elliott, N.G.; Haskard, K.; Koslow, J.A., 1995. Morphometric analysis of orange roughy (*Haplostethus atlanticus*) off the continental slope of southern Australia. *Journal of Fish Biology*, 46: 202-220.
- Hurlbut, T.; Clay, D., 1998. Morphometric and meristic differences between shallow and deepwater populations of whitehake (*Urophycis tenuis*) in the southern Gulf of St. Lawrence. *Canadian Journal of Fisheries and*