

وزارت جهاد کشاورزی
سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور

عنوان:

بررسی رابطه فیلوژنی و ساختار جمعیتی گونه‌های
خانواده Holothuroidae از خیار دریایی در سواحل شمالی
خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از
نشانگرهای COI، mtDNA و ریزماهورهای

مجری مسئول:

سهراب رضوانی گیل کلائی

شماره ثبت

۶۸۳۷۴

وزارت جهاد کشاورزی
سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور- دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان- پژوهشکده میگوی
کشور

عنوان طرح/ پروژه: بررسی رابطه فیلوژنی و ساختار جمعیتی گونه‌های خانواده Holothuroidae از خیار
دریایی در سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای COI، mtDNA و
ریزماهواره‌ای

شماره مصوب: ۱۴۸-۱۲-۱۲-۹۵۵۱-۹۴۰۱K

نام و نام خانوادگی نگارنده/ نگارندگان: سهراب رضوانی گیل کلائی
نام و نام خانوادگی مجری مسئول (اختصاص به پروژه ها و طرحهای ملی و مشترک دارد): سهراب رضوانی
گیل کلائی

نام و نام خانوادگی مجری / مجریان: رقیه صفری، محمدخلیل پذیر

نام و نام خانوادگی همکاران: هادی غفاری

نام و نام خانوادگی مشاوران :-

محل اجرا: استان‌های تهران، گلستان، بوشهر

تاریخ شروع: ۱۳۹۵/۳/۱

مدت اجرا: ۱ سال و ۲ ماه

ناشر: موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور

تاریخ انتشار: ۱۴۰۴

حق چاپ برای مؤلف محفوظ است. نقل مطالب، تصاویر، جداول، منحنی ها و نمودارها با ذکر مأخذ بلامانع است.

«سوابق طرح یا پروژه و مجری مسئول / مجری»

طرح/پروژه: بررسی رابطه فایلوژنی و ساختار جمعیتی گونه‌های
خانواده Holothuroidae از خیار دریایی در سواحل شمالی خلیج
فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای COI، mtDNA و
ریزماهوره‌ای

کد مصوب: K۹۴۰۱-۹۵۵۱-۱۲-۱۲-۱۴۸

شماره ثبت (فروست): ۶۸۳۷۴ تاریخ: ۱۴۰۴/۹/۱

با مسئولیت اجرایی جناب آقای سهراب رضوانی گیل کلانی دارای
مدرک تحصیلی دکتری تخصصی در رشته ژنتیک مولکولی است.
پروژه توسط داوران منتخب بخش زیست‌فناوری و فراوری آبزیان در
تاریخ ۱۴۰۴/۰۸/۱۱ مورد ارزیابی و با رتبه عالی تأیید گردید.

در زمان اجرای پروژه، مجری در:

ستاد ■ پژوهشکده □ مرکز □ ایستگاه

با سمت عضو هیئت علمی در موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور
(ستاد- تهران) مشغول بوده است.

عنوان	«فهرست مندرجات»	صفحه
چکیده		۱
۱- مطالعه رابطه فیلوژنی شش گونه خیار دریایی (Holothuroidae) در خلیج فارس و دریای عمان و تعیین خط شناسه گونه ها		۳
۱-۱- مقدمه		۳
۱-۱-۱- بیان مساله و اهداف تحقیق		۴
۱-۱-۲- فرضیه های تحقیق		۵
۱-۱-۳- اهداف تحقیق		۵
۱-۱-۴- طبقه بندی		۶
۱-۱-۵- رده بندی زیررده		۶
۱-۱-۵-۱- <i>Stichopus herrmanni</i> Semper, 1868		۶
۱-۱-۵-۲- <i>Holothuria leucospilota</i> Brandt, 1835		۱۰
۱-۱-۵-۳- <i>Stichopus horrens</i> Selenka, 1868		۱۳
۱-۱-۵-۴- <i>Holothuria edulis</i> Lesson, 1830		۱۷
۱-۱-۶- خیار دریایی ها از گذشته تا امروز		۲۰
۱-۱-۷- کاربرد خیاردریایی		۲۰
۱-۱-۸- اکولوژی خیار دریایی		۲۱
۱-۱-۹- خصوصیات مهم در شناسایی مورفولوژیک		۲۱
۱-۱-۹-۱- صفات مربوط به قسمت خارجی بدن		۲۲
۱-۱-۹-۲- دیواره بدن		۲۴
۱-۱-۹-۳- استخوانچه		۲۴
۱-۱-۹-۴- حلقه آهکی		۲۵
۱-۱-۹-۵- سیستم تولید مثلی		۲۵
۱-۱-۹-۶- سیستم عروقی آب، سیستم خونی و حفره perivisceral		۲۶
۱-۱-۱۰- خصوصیات زیست سنجی		۲۶
۱-۱-۱۱- چرا تنوع ژنتیکی طبیعی مهم است؟		۲۶
۱-۱-۱۲- فیلوژنی		۲۷
۱-۱-۱۳- استفاده از نشانگرهای مولکولی در سنجش تنوع ژنتیکی		۲۸

۲۸.....	۱۴-۱-۱- ساختار DNA
۲۹.....	۱۵-۱-۱- منابع DNA
۲۹.....	۱۶-۱-۱- واکنش زنجیره پلیمرز (PCR)
۳۱.....	۲-۱- پیشینه تحقیق
۳۱.....	۱-۲-۱- بررسی های مولکولی خیار دریایی در ایران
۳۲.....	۲-۲-۱- بررسی های مولکولی خیار دریایی خارج از ایران
۳۳.....	۳-۱- مواد و روش ها
۳۳.....	۱-۳-۱- نمونه برداری
۳۴.....	۲-۳-۱- روش استخراج DNA
۳۴.....	۱-۲-۳-۱- روش فنل کلروفرم
۳۴.....	۲-۲-۳-۱- روش CTAB
۳۵.....	۳-۳-۱- تعیین کمیت DNA
۳۶.....	۴-۳-۱- تعیین کیفیت DNA
۳۶.....	۵-۳-۱- واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR)
۳۸.....	۶-۳-۱- بررسی کیفیت محصولات PCR
۳۸.....	۷-۳-۱- تعیین توالی محصولات واکنش PCR
۳۸.....	۸-۳-۱- تجزیه و تحلیل های فیلوژنتیک و نرم افزارهای مورد استفاده
۳۸.....	۹-۳-۱- روش های آماری مورد استفاده در نرم افزار های ترسیم درخت فیلوژنتیک
۳۸.....	۱-۹-۳-۱- روش ماکزیمم پارسیمونی (Maximum Parsimony)
۴۰.....	۲-۹-۳-۱- روش نزدیک ترین همسایه (Neighbor-joining)
۴۲.....	۴-۱- نتایج
۴۲.....	۱-۴-۱- استخراج DNA
۴۲.....	۱-۱-۴-۱- ارزیابی کمیت DNA استخراجی با استفاده از روش اسپکتروفتومتری
۴۲.....	۲-۱-۴-۱- ارزیابی کیفیت DNA استخراجی با استفاده از روش الکتروفورز ژل آگارز
۴۳.....	۳-۱-۴-۱- PCR
۴۴.....	۲-۴-۱- بررسی توالی ژنتیکی و ریخت شناسی
۴۴.....	۱-۲-۴-۱- نتایج بررسی توالی ژنتیک گونه <i>Holothuria leucospilota</i> در منطقه ژنوم CO1
۴۶.....	۲-۲-۴-۱- نتایج بررسی توالی ژنتیکی <i>Stichopus horrens</i> در منطقه ژنومی CO1

۴۹.....	۳-۲-۴-۱- نتایج بررسی توالی ژنتیکی <i>Stichopus hermanni</i> در منطقه ژنومی CO1
۵۱.....	۴-۲-۴-۱- نتایج بررسی توالی ژنتیکی <i>Stichopus monotuberculatus</i> در منطقه ژنومی CO1
۵۴.....	۵-۲-۴-۱- نتایج بررسی توالی ژنتیکی <i>Holothuria edulis</i> منطقه ژنومی CO1
۵۶.....	۳-۴-۱- تجزیه و تحلیل بلاست ۵ گونه
۵۷.....	۴-۴-۱- نتایج بررسی توالی ژنتیکی <i>Paragonimus westermani</i> (out group) منطقه ژنومی CO1
۵۷.....	۵-۴-۱- مقایسه توالی گونه های مورد مطالعه
۵۸.....	۶-۴-۱- رسم درخت فیلوژنتیک
۵۹.....	۷-۴-۱- نگاه کلی بر درخت های به دست آمده
۵۹.....	۸-۴-۱- شرح درخت به دست آمده با روش نزدیک ترین همسایه
۵۹.....	۹-۴-۱- شرح درخت به دست آمده با روش ماکزیمم پارسیمونی
	۱۰-۴-۱- رسم درخت فیلوژنتیک به دو روش ماکزیمم پارسیمونی و نزدیک ترین همسایه با استفاده از تجزیه و تحلیل Bootstrap
۶۰.....	۱۱-۴-۱- تفسیر و مقایسه درخت های به دست آمده با تجزیه و تحلیل Bootstrap
۶۱.....	۱۲-۴-۱- زمان های اشتقاق در ارتباط با وقایع تاریخی و پراکنش
۶۱.....	۵-۱- بحث
۶۲.....	۶-۱- نتیجه گیری نهایی
۶۳.....	پیشنهادات
	۲- بررسی ساختار جمعیتی خیار دریایی گونه <i>Holothuria leucospilota</i> در سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از روش توالی یابی DNA
۶۴.....	۱-۲- مقدمه
۶۵.....	۱-۱-۲- فرضیات
۶۵.....	۲-۱-۲- مشخصات کلی خارپوستان
۶۶.....	۳-۱-۲- طبقه بندی شاخه خارپوستان
۶۶.....	۴-۱-۲- رده بندی خیارهای دریایی
۶۷.....	۵-۱-۲- پراکنش جغرافیایی و زیستگاه خیارهای دریایی
۶۸.....	۶-۱-۲- ویژگی های ظاهری خیارهای دریایی
۶۸.....	۷-۱-۲- رفتارهای تغذیه ای
۶۸.....	۸-۱-۲- تولیدمثل

۶۹.....	۹-۱-۲- اهمیت غذایی و دارویی خیارهای دریایی
۶۹.....	۱۰-۱-۲- خیارهای دریایی شناخته شده در ایران
۷۰.....	۱-۱۰-۱-۲- ریخت شناسی گونه <i>Holothuria leucospilota</i>
۷۳.....	۲-۱-۲- مروری بر مطالعات انجام شده
۷۳.....	۱-۲-۱-۲- مروری بر مطالعات انجام شده در داخل کشور
۷۴.....	۲-۲-۱-۲- مروری بر مطالعات انجام شده در خارج کشور:
۷۶.....	۲-۲- مواد و روش
۷۶.....	۱-۲-۲- نمونه برداری
۷۶.....	۲-۲-۲- استخراج DNA با استفاده از روش استات آمونیوم
۷۷.....	۳-۲-۲- ارزیابی کیفیت DNA استخراجی
۷۷.....	۴-۲-۲- طراحی آغازگر مورد استفاده
۷۷.....	۵-۲-۲- واکنش زنجیره ای پلی مرز
۷۸.....	۶-۲-۲- الکتروفورز محصول PCR با استفاده از ژل آگارز
۷۸.....	۷-۲-۲- تعیین توالی نمونه ها
۷۸.....	۸-۲-۲- تجزیه و تحلیل داده ها
۷۸.....	۳-۲- نتایج
۷۸.....	۱-۳-۲- نتایج بررسی کمی و کیفی DNA استخراجی
۷۸.....	۱-۱-۳-۲- ارزیابی کمیت DNA استخراجی با استفاده از روش اسپکتروفتومتری
۷۹.....	۲-۱-۳-۲- ارزیابی کیفیت DNA استخراجی با استفاده از روش الکتروفورز ژل آگاروز
۷۹.....	۳-۱-۳-۲- تکثیر قطعه مورد نظر به روش واکنش های زنجیره ای پلیمرز (PCR)
۷۹.....	۴-۱-۳-۲- تعیین توالی ناحیه تکثیر شده
۸۰.....	۴-۱-۳-۲- شاخص های تنوع هاپلوتایی
۸۳.....	۲-۳-۲- تجزیه و تحلیل ساختار جمعیتی
۸۳.....	۱-۲-۳-۲- محاسبه میزان مهاجرت (Nm)
۸۴.....	۲-۲-۳-۲- فاصله ژنتیکی
۸۴.....	۳-۳-۲- نتایج Tajima D-Test و Fu
۸۵.....	۴-۳-۲- ترسیم درخت های فیلوژنتیک
۸۶.....	۴-۲- بحث

۳- بررسی رابطه فایلوژنی و ساختار جمعیتی ۲ گونه (<i>Holothuria parva</i> و <i>Holothuria arenicola</i>) از خیار دریایی در خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگر mtDNA	۸۹
۳-۱- مقدمه	۸۹
۳-۲- مواد و روش کار	۹۳
۳-۲-۱- نمونه برداری از خیارهای دریایی	۹۳
۳-۲-۲- تعیین جنس و گونه خیار دریایی بر اساس شاخص های مورفولوژیک	۹۶
۳-۲-۳- استخراج ماده ژنتیکی DNA	۹۷
۳-۲-۴- تعیین کیفیت و کمیت ماده ژنتیکی استخراجی	۹۷
۳-۲-۵- تعیین تفاوت های ژنتیکی خیارهای دریایی نمونه گیری شده از مناطق مختلف	۹۸
۳-۲-۶- بهینه سازی آغازگر واکنش PCR	۹۸
۳-۲-۶-۱- بهینه سازی آغازگر منطقه 16S rRNA میتوکندریال	۹۸
۳-۲-۶-۲- تکثیر مناطق 16S rRNA میتوکندریال	۹۹
۳-۲-۷- ارزیابی کیفیت محصولات PCR حاصل از آغازگر 16S rRNA	۱۰۰
۳-۲-۸- توالی یابی محصولات PCR	۱۰۱
۳-۲-۸-۱- بازسازی توالی های هر نمونه	۱۰۱
۳-۲-۹- تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی ها با استفاده از نرم افزارها	۱۰۲
۳-۲-۱۰- تجزیه و تحلیل داده های به دست آمده	۱۰۳
۳-۳- نتایج	۱۰۳
۳-۳-۱- نتایج تعیین توالی منطقه 16S rRNA، DNA میتوکندریال	۱۰۳
۳-۳-۱-۱- نتایج تعیین توالی نمونه های اخذ شده از استان های مختلف	۱۰۳
۳-۳-۱-۲- گونه های شناسایی شده در استان های مختلف	۱۰۴
۳-۳-۳- مقایسه اولیه توالی های منطقه 16S rRNA، DNA میتوکندریال با سایر توالی های مشابه	۱۰۵
۳-۳-۱-۱- مقایسه توالی های به دست آمده از استان بوشهر با سایر توالی های مشابه	۱۰۵
۳-۳-۱-۲- مقایسه توالی های به دست آمده از استان هرمزگان با سایر توالی های مشابه	۱۰۶
۳-۳-۱-۳- مقایسه اولیه توالی های به دست آمده از استان سیستان و بلوچستان با سایر توالی های مشابه	۱۰۸
۳-۳-۳- بررسی میزان همپوشانی و همسانی گونه <i>H. parva</i> شناسایی شده در مناطق مختلف	۱۱۰
۳-۳-۴- بررسی میزان همپوشانی و همسانی گونه <i>H. arenicola</i> شناسایی شده در مناطق مختلف	۱۱۴
۳-۳-۵- بررسی میزان همپوشانی و همسانی گونه <i>H. leucospilota</i> شناسایی شده در مناطق مختلف	۱۱۵

- ۳-۳-۶-همردیفی توالی‌های ناحیه 16S rRNA خیارهای دریایی گونه‌های مختلف ۱۱۵
- ۳-۳-۷-ترکیب نوکلئوتیدی حاصله از همردیفی توالی‌های ناحیه 16S rRNA گونه‌های مختلف
- ۳-۳-۸-خياردریایی ۱۱۶
- ۳-۳-۸-تخمین MCL الگوی جانشینی نوکلئوتیدی برای بازها گونه‌های مختلف خیاردریایی ۱۱۷
- ۳-۳-۹-شاخص‌های ژنتیکی جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. parva* ۱۲۰
- ۳-۳-۱۰-فراوانی هاپلوتایپ‌های شناسایی شده در جمعیت‌های خیار دریایی گونه *H. parva* در مناطق مختلف ۱۲۰
- ۳-۳-۱۱-تخمین MCL الگوی جانشینی نوکلئوتیدی برای بازها خیاردریایی گونه *H. parva* مناطق مختلف ۱۲۱
- ۳-۳-۱۲-ماتریکس فاصله ژنتیکی هاپلوتایپ‌های جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. parva* در مناطق مختلف ۱۲۱
- ۳-۳-۱۳-تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی 16S rRNA میتوکندریال جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. parva* ۱۲۲
- ۳-۳-۱۴-میزان تمایز ژنی جمعیت‌های مختلف خیارهای دریایی *H. parva* در مناطق مختلف ۱۲۳
- ۳-۳-۱۵-میزان جریان ژنی (Nm)، نرخ واگرایی ژنتیکی (Dxy)، فاصله ژنتیکی و واریانس ملکولی (AMOVA) جمعیت‌های مختلف خیارهای دریایی *H. parva* در مناطق مختلف ۱۲۳
- ۳-۳-۱۶-مقایسه ماتریکس فاصله ژنتیکی هاپلوتایپ‌های جمعیت‌های مختلف خیاردریایی گونه *H. parva* در مناطق مختلف با توالی‌های به دست آمده از بانک جهانی ژن (NCBI) ۱۲۴
- ۳-۳-۱۷-تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی 16S rRNA میتوکندریال جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. parva* با توالی‌های ثبت شده در NCBI ۱۲۴
- ۳-۳-۱۸-شاخص‌های ژنتیکی جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. arenicola* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ۱۲۶
- ۳-۳-۱۹-فراوانی هاپلوتایپ‌های شناسایی شده در جمعیت‌های مختلف خیارهای دریایی گونه *H. arenicola* ۱۲۷
- ۳-۳-۲۰-ماتریکس فاصله ژنتیکی هاپلوتایپ‌های مربوط به جمعیت‌های مختلف خیارهای دریایی گونه *H. arenicola* جمع‌آوری شده از سواحل بندر لنگه و جزیره قشم ۱۲۷
- ۳-۳-۲۱-تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی 16S rRNA میتوکندریال جمعیت‌های خیار دریایی گونه *H. arenicola* بندر لنگه و جزیره قشم ۱۲۸

- ۳-۳-۲۲- میزان تمایز ژنی، جریان ژنی و نرخ واگرایی جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. arenicola* در مناطق مختلف ۱۲۹
- ۳-۳-۲۳- تخمین MCL الگوی جانشینی نوکلئوتیدی برای بازها خیار دریایی گونه *H. arenicola* در مناطق مختلف ۱۲۹
- ۳-۳-۲۴- مقایسه ماتریکس فاصله ژنتیکی جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. arenicola* جزیره قشم و بندر لنگه با توالی‌های ثبت شده در NCBI ۱۳۰
- ۳-۳-۲۵- تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی *16S rRNA* میتوکندریال خیار دریایی گونه *H. arenicola* از بندر عباس و بندر لنگه با توالی‌های ثبت شده در NCBI ۱۳۰
- ۳-۳-۲۶- شاخص‌های ژنتیکی خیار دریایی گونه *Stichopus herrmanni* جمع‌آوری شده از خلیج چابهار ۱۳۱
- ۳-۳-۲۷- فراوانی هاپلوتایپ‌های شناسایی شده در خیار دریایی گونه *Stichopus herrmanni* در خلیج چابهار ۱۳۲
- ۳-۳-۲۸- ماتریکس فاصله ژنتیکی خیار دریایی *S. herrmanni* خلیج چابهار ۱۳۲
- ۳-۳-۲۹- تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی *16S rRNA* میتوکندریال خیار دریایی گونه *S. herrmanni* خلیج چابهار ۱۳۲
- ۳-۳-۳۰- ماتریکس فاصله ژنتیکی خیار دریایی گونه *S. herrmanni* خلیج چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI ۱۳۳
- ۳-۳-۳۱- تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی *16S rRNA* میتوکندریال خیار دریایی گونه *S. herrmanni* خلیج چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI ۱۳۴
- ۳-۳-۳۲- شاخص‌های ژنتیکی خیار دریایی گونه *H. leucospilota* جمع‌آوری شده از جزیره لارک و خلیج چابهار ۱۳۴
- ۳-۳-۳۳- فراوانی هاپلوتایپ‌های شناسایی شده در جمعیت‌های مختلف خیارهای دریایی *H. leucospilota* جزیره لارک و خلیج چابهار ۱۳۵
- ۳-۳-۳۴- ماتریکس فاصله ژنتیکی خیار دریایی *H. leucospilota* جزیره لارک و خلیج چابهار ۱۳۵
- ۳-۳-۳۵- میزان تمایز ژنی، جریان ژنی و نرخ واگرایی جمعیت‌های مختلف خیار دریایی گونه *H. leucospilota* در مناطق مختلف ۱۳۶

۳-۳-۳۶- تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی 16S rRNA میتوکندریال خیار دریایی گونه <i>H. leucospilota</i>	۱۳۶
۳-۳-۳۷- ماتریکس فاصله ژنتیکی خیار دریایی گونه <i>H. leucospilota</i> جزیره لارک و خلیج چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI	۱۳۸
۳-۳-۳۸- تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی 16S rRNA میتوکندریال خیار دریایی گونه <i>H. leucospilota</i> جزیره لارک و خلیج چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI	۱۳۸
۳-۳-۳۹- شاخص‌های ژنتیکی خیار دریایی گونه <i>H. scabra</i> جمع‌آوری شده از خلیج چابهار	۱۳۹
۳-۳-۴۰- مقایسه ماتریکس فاصله ژنتیکی خیار دریایی گونه <i>H. scabra</i> خلیج چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI	۱۴۰
۳-۳-۴۱- مقایسه تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی 16S rRNA میتوکندریال خیار دریایی گونه <i>H. scabra</i> خلیج چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI	۱۴۰
۳-۳-۴۲- شاخص‌های ژنتیکی خیارهای دریایی گونه <i>H. pardalis</i> جمع‌آوری شده از خلیج چابهار	۱۴۱
۳-۳-۴۳- فراوانی هاپلوتایپ‌های شناسایی شده در خیارهای دریایی گونه <i>H. pardalis</i> در خلیج چابهار	۱۴۱
۳-۳-۴۴- مقایسه ماتریکس فاصله ژنتیکی خیارهای دریایی گونه <i>H. pardali</i> خلیج چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI	۱۴۲
۳-۳-۴۵- تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی 16S rRNA میتوکندریال خیار دریایی گونه <i>H. pardali</i> بندر چابهار با توالی‌های ثبت شده در NCBI	۱۴۲
۳-۴- بحث	۱۴۳
نتیجه گیری	۱۵۰
منابع	۱۵۲
چکیده انگلیسی	۱۵۹

چکیده

طرح بررسی رابطه فیلوژنی و ساختار جمعیتی گونه‌های خانواده Holothuroidea از خیار دریایی در سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای mtDNA، COI و ریزماهواره ای با سه پروژیه زیر مجموعه تحت عنوان ۱- مطالعه رابطه فیلوژنی پنج تا شش گونه خیار دریایی (Holothuroidea) در خلیج فارس و دریای عمان و تعیین خط شناسه گونه‌ها، ۲- بررسی ساختار جمعیتی گونه *Holothuria leucospilota* از خیار دریایی در سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای mtDNA، COI و ریزماهواره ای ۳- بررسی ساختار جمعیتی گونه‌های *Holothuria parva* *Holothuria arenicola* از خیار دریایی در سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از نشانگرهای mtDNA، COI و ریزماهواره ای انجام شد.

هدف این طرح تعیین روابط تکاملی و فیلوژنی گونه‌های خیار دریایی در مناطق ساحلی ایران، بررسی ساختار جمعیتی و تنوع ژنتیکی گونه‌های شاخص (مانند *Holothuria leucospilota* و ارزیابی جریان ژنی و تمایز جمعیت‌ها بین مناطق مختلف (بوشهر، هرمزگان، سیستان و بلوچستان) است. در این طرح سعی شد از ایستگاه‌های متعدد در سواحل بوشهر، بندرعباس، چابهار، جزایر قشم و لارک نمونه برداری صورت گیرد و استخراج DNA با استفاده از روش‌های CTAB و استات آمونیوم انجام شد. تکثیر و توالی‌یابی نشانگرهای ژنتیکی COI و ۱۶S rDNA با توالی‌یابی PCR انجام شد. تحلیل داده‌ها با ترسیم درخت فیلوژنی با روش‌های Maximum Parsimony، Neighbor-Joining و محاسبه شاخص‌های تنوع هاپلوتایپی (Hd)، تمایز ژنتیکی (Fst) و فاصله ژنتیکی و آزمون‌های جمعیتی (Tajima's D، Fu's Fs) محاسبه شد.

شناسایی گونه‌های *Holothuria parva*، *H. arenicola*، *H. leucospilota*، *H. scabra*، *H. pardalis* و *S. herrmanni* و تمایز واضح گونه‌ها در درختان فیلوژنی با پشتیبانی بالا صورت گرفت. ساختار جمعیتی با جریان ژنی بالا بین جمعیت‌های *H. parva* (بوشهر، دیر، لنگه) و *H. arenicola* (بستانه، قشم) با هاپلوتایپ‌های مشترک مشاهده شد. تمایز جمعیتی در *H. leucospilota* با هاپلوتایپ‌های منحصر به فرد در چابهار، بندرعباس و بوشهر از خود نشان داد. بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های بوشهر و چابهار (Fst = 0.08) و کمترین بین بندرعباس و بوشهر (Fst = 0.03) مشاهده شد. از لحاظ تنوع ژنتیکی، تنوع هاپلوتایپی بالا در تمام مناطق با میانگین Hd = 0.78 مشاهده شد و بالاترین

تنوع در چابهار ($Hd = 0.81$) و کمترین در بوشهر ($Hd = 0.74$) و نتیجه آزمون‌های خنثی (Tajima's D) غیرمعنادار ($P > 0.01$)، نشان‌دهنده تعادل جمعیتی است.

وجود جریان ژنی قوی بین برخی جمعیت‌ها (مانند *H. parva*) که احتمالاً ناشی از انتشار لاروی است و همچنین تمایز جمعیتی در *H. leucospilota* نیازمند مدیریت جداگانه ذخایر در مناطق مختلف است و ضرورت حفاظت از تنوع ژنتیکی به عنوان منبع adaptability در برابر تغییرات محیطی و تأکید بر مدیریت مبتنی بر ریزماهواره برای گونه‌های با ارزش اقتصادی مانند *H. scabra* ضروری است.

کلمات کلیدی: خیار دریایی، خلیج فارس، دریای عمان، فایلوژنی، 16srRNA، ساختار جمعیت، توالی یابی، CO1، چابهار، بندرعباس