مجله بوم شناسی آبزیان

Journal homepage: http://jae.hormozgan.ac.ir

بررسی جایگاه تبارشناختی ماهی زردپر سرمخروطی *Luciobarbus conocephalus* (Kessler, 1872) در حوضه آبریز هریرود با استفاده توالی ژن میتوکندریایی *Cytb*

آرش جولاده رودبار، حمید فرحمند*، امیرعابد علم دوست، باقر مجازی امیری، سهیل ایگدری

گروه شیلات، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج

نوع مقاله:
پژوهشی

تاریخچه مقاله:
دریافت: ۹۹/۰۷/۲۳
اصلاح: ۹۹/۱۱/۱۸
پذیرش: ۹۹/۱۱/۲۵

کلمات کلیدی:
تبارشناسی
تمایز ژنتیکی
سس‌ماهی
کپورماهیان

چکیده

اخیراً زردپر سرمخروطی *Luciobarbus conocephalus* از رودخانه هریرود برای اولین بار گزارش شده است اما در مورد اعتبار این گونه در بین محققان شک و تردید وجود دارد. برخی آن را به عنوان زیرگونه و برخی دیگر آن را به عنوان مترادف زردپر سر بزرگ *L. capito* می‌دانند. بنابراین مطالعه حاضر به منظور بررسی جایگاه تبارشناسی و اعتبارسنجی این گونه انجام شد. بدین منظور نمونه‌های منتسب به این گونه از رودخانه هریرود (حدفاصل پایین دست سد دوستی و پل خاتون) صید شدند. ژن سیتوکروم بی *Cytb* برای دو نمونه توالی‌یابی شد. با استفاده از توالی‌های حاصله و دیگر توالی‌های موجود در بانک ژن NCBI از اعضای این جنس، درخت‌های تبارشناسی به روش Bayesian inference و تخمین Maximum likelihood ترسیم شد. با توجه به نتایج به دست آمده، زردپر سرمخروطی گونه مجزا و معتبر از *L. capito* است. زردپر سرمخروطی در درخت‌های تبارشناسی ترسیم شده در خوشه مجزا از *L. capito* با پشتیبانی بالا قرار گرفت، همچنین نتایج همردیفی ژن *Cytb* این گونه نیز، در ۱۱ جایگاه منحصر به فرد با *L. capito* تفاوت نشان داد. علاوه بر این میانگین فاصله ژنتیکی K2P برای دو گونه زردپر سرمخروطی و زردپر سربزرگ در حدود ۱/۳ درصد به دست آمد که به نظر می‌رسد برای گونه‌های معتبر در جنس *Luciobarbus* فاصله‌ای پذیرفته شده است.

مقدمــه

کشور ایران به دلیل قرار گرفتن در محل تلاقی سه ابربومگاه Palearctic، Afrotropic و Indomalaya به عنوان یکی از منـاطق خاص جهان با تنوع خیره‌کننـده جانـدارن شـناخته مـی‌شـود (Abell *et al*., 2008; Coad, 2018; Yousefi *et al*., 2020). بـا وجوداین‌که ایران با میانگین بارندگی سالانه کمتر از ۲۵۰ میلی‌متر بـه عنـوان کشـوری نیمـه‌خشـک دسـته‌بنـدی مـی‌گـردد (Javanmard *et al*., 2010)، اما دارای تنوع بالایی در آبزیان، به‌ویژه ماهیـان اسـت (Jouladeh-Roudbar *et al*., 2015, 2020; Yousefi *et al*., 2020). در آخرین فهرست به روز شده ماهیان ایران، حضور ۲۶۴ گونه مشـتمل بـر ۹۷ جـنس و ۳۳ خـانواده گزارش شده است که از این تعداد ۷۹ گونـه بـومزاد (Endemic) بـوده و صـرفاً در کشـور ایـران یافـت مـی‌شـوند (Jouladeh-Roudbar *et al*., 2020).

بیشترین تعداد گونه ماهیان در آب‌های داخلی ایران در حوضه‌هایی یافت می‌شود که دارای ارتباط با دریاها هستند (به عنـوان مثال حوضه آبریز کاسپین با ۱۰۶ گونه و تیگریس با ۱۰۳ گونه)، اما حوضه‌های درون‌ریز و ایزوله ایـران اغلـب از تعـداد گونـه

* نویسنده مسئول، پست الکترونیک: hfarahmand@ut.ac.ir

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]

کمتری بهره می‌برند (Coad, 2018; Jouladeh-Roudbar *et al*., 2020). در سالیان اخیـر مطالعـات نسـبتاً جـامعی روی فـون ماهیـان آب‌هـای داخلـی ایـران انجـام شـده اسـت (Freyhof *et al*., 2014; Freyhof *et al*., 2016; Ghanavi *et al*., 2016; Jouladeh-Roudbar *et al*., 2017; etc.) اما به نظر می‌رسد حوضه‌های شرقی ایران چندان دقیق مورد بررسی قرار نگرفتـه‌انـد. احتمالاً دشواری در نمونه‌برداری و قرار گرفتن اغلب رودخانه‌های بزرگ و دائمی این حوضه‌ها در مناطق مرزی (نظیر هریرود و هیرمند) از جمله دلایلی است که باعث شده است فون ماهیان این مناطق کمتر مورد مطالعه و شناخت قرار بگیرند. بـر اسـاس مطالعات Esmaeili و همکاران (2010)، ۱۱ گونه بومی از حوضه آبریز هریرود گزارش شده است؛ اما در آخرین گزارش صـورت گرفته این تعداد به ۱۸ گونه رسیده است (Jouladeh-Roudbar *et al*., 2020).

جنس زردپرماهیان *Luciobarbus* متعلق به خانواده کپورماهیان Cyprinidae می‌باشند و در دنیا دارای حدوداً ۵۰ گونـه اسـت (Eschmeyer *et al*., 2018). اعضای این جنس در اروپا، جنوب غرب آسیا و آفریقا پراکنده شـده‌انـد (Kottelat and Freyhof, 2007). در کشور ایران نه گونه از این جنس یافت می‌شود (Jouladeh-Roudbar *et al*., 2020). ویژگی‌هـا ریختـی ایـن جـنس شامل بدنی استوانه‌ای و فشرده از دو طرف، اندازه متوسط تا خیلی بزرگ، فلس‌های بزرگ تـا بسـیار کوچـک (۱۰۳-۲۶ فلـس روی خط جانبی)، فاقد غلاف فلسی (scale sheath) در اطراف مخرج، اغلب دارای دو جفت سبیلک، لب‌ها اغلـب توسـعه‌یافتـه، آخرین شعاع غیرمنشعب باله پشتی به شدت استخوانی و خار مانند با لبه مضرس، معمولاً ۸-۷ شعاع منشعب باله پشـتی، بالـه مخرجی کوتاه، دندان حلقی ۳ ردیفی قاشقی یا قلابی شکل، بدن غالباً به رنگ قهوه‌ای یا کرم بدون لکه‌های تیـره (بـه اسـتثناء *L. subquincunciatus*). لازم به ذکر است تمامی گونه‌های جنس *Luciobarbus* در ایران دارای دوجفت سبیلک هسـتند، امـا ممکن است در اثر اختلالات ژنتیکی در برخی نمونه‌ها این تعداد کمتر باشد (Kottelat and Freyhof, 2007).

اخیراً گونه *L. conocephalus* (شکل۲، A) از رودخانه هریرود برای اولین بار گزارش شـده اسـت (Jouladeh-Roudbar *et al*., 2020)، اما در مورد اعتبار این گونه تردید وجود دارد زیرا Coad (1995) این گونه را متـرادف *L. capito* قـرار داده و از درجـه اعتبار ساقط نموده است، اگرچه Berg (1949) آن را در حـد زیرگونـه معتبـر مـی‌دانـد. بـا ایـن وجـود Jouladeh-Roudbar و همکاران (2020) این گونه را معتبر برشمردند. با توجه به اینکه گونه *L. conocephalus* دارای انـدازه بـدن بـزرگ و جمعیـت نسبتاً متوسطی در دریاچه سد دوستی و رودخانه هریرود (در پایین دست سد) است، کمی عجیب به نظر می‌رسد کـه چـرا تـا سال ۲۰۲۰ مورد شناسایی و گزارش قرار نگرفته است. در رابطه با عدم گزارش این گونه می‌توان دو فرضیه را مطرح نمود. اول اینکه در دریاچه سد دوستی و رودخانه هریرود سیاه ماهی هراتی *Capoeta heratensis* (شکل۲، B) نیز به همراه این گونه بـه صورت هم‌جا (Sympatric) حضور دارد که از لحاظ ظاهری شباهت نسبتاً زیادی (دوجفت سبیلک و شکل بدن مشابه) به ایـن گونه، به‌ویژه در نمونه‌های تثبیت شده در محلول فرمالین دارد که سبب عدم تشخیص این دو گونه از یکدیگر شده است و دوم اینکه گونه موجود در سد دوستی احتمالاً *L. capito* باشد که صرفاً در سال‌های اخیر به دریاچه سد دوستی معرفی شده اسـت. زیرا پیش‌تر نیز گزارشی از معرفی این گونه به دریاچه سد لتیان وجود داشت (Jouladeh-Roudbar *et al*., 2020).

با توجه به مسائل مطرح شده به نظر می‌رسد در مورد حضور و اعتبار گونه *L. conocephalus* تردید وجود دارد، بنـابراین ایـن مطالعه به منظور شناسایی و بررسی وضعیت تبارشناسی گونه *Luciobarbus* موجود در رودخانه هریرود با استفاده از توالی ژن سیتوکروم بی *Cytb* هدف‌گذاری گردید. در مطالعات مختلف با توجه به اندازه بـزرگ‌تـر ژن سـیتوکروم بـی (در حـدود ۱۱۴۰ جفت بـاز) نسـبت بـه ژن سـیتوکروم اکسـیداز COI از ایـن ژن بـرای بررسـی روابـط خویشـاوندی در میـان اعضـای جـنس *Luciobarbus* اسـتفاده شـده اسـت (Machordom and Doadrio, 2001; Tsigenopoulos *et al*., 2003; Buonerba *et al*., 2013; Gante *et al*., 2015)، بنابراین در این مطالعه نیز از این ژن استفاده گردید تا وضعیت آرایه‌شناسی این گونـه بـه شـکل مطلوب‌تری بررسی و نتیجه‌گیری در رابطه با آن حاصل گردد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری: برای انجام این مطالعه در سال ۱۳۹۶ از رودخانه هریرود (شکل ۱)، حد فاصل پایین دست سد دوستی و پل خاتون (Lat: 35.958024°, Long: 61.136302°) با استفاده از دستگاه الکتروفیشر نمونه‌برداری انجام شد. قسمتی از باله سینه‌ای سمت راست بدن دو نمونه در اتانول ۹۶ درصد فیکس و جهت انجام مطالعات مولکولی به آزمایشگاه منتقل شد.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]

استخراج DNA: استخراج DNA با استفاده از روش نمکی بهینه بافته از بالهها صورت گرفت (Miller *et al*. 1988). از روش‌های اسپکتروفتومتری و الکتروفورز افقی ژل آگارز برای تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراجی استفاده شد.

واکنش PCR: جهت تکثیر ژن *Cytb* از پرایمر رفت ('GluFish F-(5'-AACCACCGTTGTTATTCAACTACAA-3' و برگشت ('THR Fish2 R-(5'-AACCTCCGACATCCGGCTTACAAGACCG-3' استفاده شد (Sevilla *et al*., 2007). واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر انجام شد که از مقدار ۳ میکرولیتر بافر 10X، ۱/۵ میکرولیتر منیزیم کلرید ($MgCl_2$)، ۱ میکرولیتر پرایمر رفت و ۱ میکرولیتر پرایمر برگشت (۱۰ پیکومول)، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs (10 mM)، ۰/۳ میکرولیتر آنزیم تک پلیمراز (۵ u/µl) و ۱ میکرولیتر DNA الگو و ۱۱/۷ میکرولیتر آب مقطر بودند. برنامه دمایی واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به صورت واسرشت اولیه در ۹۵ درجه سلسیوس برای ۲ دقیقه، به دنبال آن ۳- چرخه (واسرشت‌سازی در ۹۵ درجه سلسیوس برای ۳۰ ثانیه، اتصال در ۵۷/۷ درجه سلسیوس برای ۹۰ ثانیه، گسترش در ۷۲ درجه سلسیوس برای ۹۰ ثانیه) و در نهایت، گسترش نهایی در ۷۲ درجه سلسیوس به مدت ۱۰ دقیقه بود.

توالی‌یابی: پس از اطمینان از تکثیر موفق و بدون آلودگی قطعه مورد نظر ۲۵ میکرولیتر از محصول PCR جهت خالص‌سازی و توالی یابی به شرکت Bioneer کره جنوبی ارسال شد. قطعه های تکثیر شده با استفاده از آغازگر GluFish F رفت توالی‌یابی شدند.

آنالیز داده‌ها: توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار Geneious Prime 2020 ویرایش شدند. عملیات یکپارچکی توالی‌های ژن COI با استفاده از CLUSTALW در نرم افزار Bioedit انجام شد (Hall *et al*., 2011). به منظور یافتن توالی‌های مشابه جهت ترسیم درخت تبارشناسی، توالی ویرایش شده با استفاده از جستجوی BLAST در بانک جهانی NCBI با سایر توالی‌های این جنس مقایسه شدند. مدل تجزیه و تحلیل با استفاده از نرم‌افزار MrModeltest2 انتخاب شد (Nylander, 2004). بر اساس نتیجه حاصله از این نرم‌افزار، مدل K2+G برای تجزیه و تحلیل پیشنهاد شد. برای ترسیم درخت‌های تبارشناسی از روش inference Bayesian در نرم‌افزار MrBayes v. 3.2 (Ronquist *et al*., 2012) و تکرار ۱۰ میلیون نسل و برای Maximum likelihood از نرم‌افزار RaxML GUI v. 2.0 (Edler *et al*., 2021) و ۱۰ هزار تکرار استفاده شد. برای تعیین فاصله نوکلئوتیدی توالی‌های حاصل از روش K2P در نرم‌افزار MEGA v. 7.0 استفاده شد (Kumar *et al*., 2016). همچنین برای ترسیم درخت‌های به دست آمده نیز از نرم‌افزار FigTree v. 1.5 استفاده گردید (Rambaut, 2009). گونه *Cyprinus carpio* نیز به عنوان برون گروه در نظر گرفته شد.



شکل ۱. رودخانه هریرود، زیستگاه زردپر سرمخروطی *L. conocephalus*. مرز بین دو کشور ایران و ترکمنستان.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]

نتایـج

پس از رویت و ویرایش نتایج تعیین توالی ژن سیتوکروم بی *Cytb* در نمونه‌ها، قطعه‌ای به طول حدود ۸۰۰ جفت باز به دسـت آمد. دو نمونه تعیین توالی شده دارای هاپلوتایپ مشابه بودند، لذا یکی از آن‌ها در ترسیم درخت تبارشناسی مورد استفاده قرار گرفت. پس از ترسیم و مقایسه درخت‌های تبارشناسـی بـا دو روش Maximum likelihood و Bayesian inference بـه دلیـل توپولوژی نسبتاً مشابه صرفاً از درخت BI استفاده شد و نتایج به دست آمده از احتمـال پسـین (BI posterior probability) و بوت استرپ (ML bootstrap) پیش از هر خوشه درج گردید (شکل ۳). در درخت تبارشناسی ترسیم شده سعی شد حـداقل از یک توالی گونه‌های جنس *Luciobarbus* که ژن سیتوکروم بی آن‌ها در بانک ژن NCBI موجود بود، اسـتفاده شـود تـا بتـوان گونه ساکن رودخانه هریرود را با آن‌ها مقایسه و نتیجه‌گیـری شـفاف‌تـری ارائـه نمـود. بـا توجـه بـه نتـایج حاصـل از ترسـیم درخت‌های تبارشناسی BI و ML گونه ساکن رودخانه هریرود با توالی به شمار دسترسی KP712171 (حوضه دریـای آرال) بـا احتمال پسین ۱ و بوت استرپ ۱۰۰ در یک خوشه و همچنین به صورت خواهری در کنـار خوشـه *L. capito* (حوضـه دریـای کاسپین) با احتمال پسین و بوت استرپ کامل قرار گرفتند. علاوه بر این گونـه‌هـای *L. esocinus* و *L. xanthopterus* (حوضـه تیگرس) نیز به صورت غیر قابل تفکیک در یک خوشه احتمال پسین و بوت استرپ کامل قرار گرفتند.

با توجه به نتایج همردیفی حدود ۸۰۰ جفت باز از ژن *Cytb* گونه *Luciobarbus* رودخانه هریـرود بـا گونـه *L. capito*، در ۱۱ جایگاه دارای چندشکلی (Polymorphism) منحصر به‌فرد است.

بر اساس نتایج حاصل، از میانگین فاصله ژنتیکی K2P در بین گونه‌های مورد بررسـی جـنس *Luciobarbus*، کمتـرین میـزان فاصله ژنتیکی به مقدار ۰/۵ درصد بین دو گونه *L. nasus* و *L. guercifensis* و بیشترین میزان فاصله ژنتیکی به مقدار ۱۴/۲



شکل ۲. A: زردپر سرمخروطی *Luciobarbus conocephalus*، صید شده از رودخانه هریرود، پل خاتون، خراسان رضوی؛ B: سیاه ماهی هراتی *Capoeta heratensis*، صید شده از رودخانه کلات، خراسان رضوی

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]

جدول ۱. میانگین فاصله ژنتیکی K2P در بین گونه‌های مورد مطالعه جنس *Luciobarbus* بر اساس درصد تفاوت در ژن *Cytb*.

ردیف	نام تاکسون	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵	۱۶	۱۷	۱۸	۱۹	۲۰	۲۱	۲۲	۲۳	۲۴	۲۵	۲۶	۲۷
۱	*L. bocagei*																											
۲	*L. brachycephalus*	۹/۵																										
۳	*L. callensis*	۶/۷	۹/۵																									
۴	*L. capito*	۹/۵	۳/۳	۲/۶																								
۵	*L. chelifensis*	۹/۷	۴/۵	۷/۶	۲/۶																							
۶	*L. comizo*	۰/۱	۰/۶	۶/۷	۹/۵	۴/۸																						
۷	*L. conocephalus*	۷/۶	۲/۳	۶/۵	۵/۱	۶/۵	۸/۶																					
۸	*L. esocinus*	۸/۶	۳/۴	۸/۶	۵/۳	۷/۶	۸/۶	۰/۴																				
۹	*L. graellsii*	۳/۴	۵/۸	۹/۹	۳/۷	۸/۸	۴/۵	۰/۷	۷/۷																			
۱۰	*L. guercifensis*	۳/۴	۰/۶	۶/۷	۴/۵	۰/۶	۳/۴	۱/۵	۷/۵	۶/۴																		
۱۱	*L. lanigarensis*	۶/۷	۴/۵	۲/۶	۶/۴	۶/۴	۲/۸	۱/۴	۷/۵	۵/۸	۱/۷																	
۱۲	*L. leptopogon*	۲/۱۰	۰/۷	۲/۶	۳/۷	۸/۷	۲/۱۰	۸/۶	۰/۹	۱/۱۱	۱/۹	۴/۸																
۱۳	*L. maghrebensis*	۰/۹	۶/۵	۴/۵	۳/۵	۳/۵	۵/۹	۸/۴	۴/۶	۱/۱۰	۴/۸	۳/۴	۰/۷															
۱۴	*L. magniatlantis*	۱/۱۰	۷/۶	۹/۵	۴/۶	۴/۶	۷/۱۰	۹/۵	۳/۷	۱/۱۱	۶/۹	۴/۵	۶/۷	۰/۲														
۱۵	*L. mascarensis*	۷/۸	۲/۶	۸/۴	۹/۵	۲/۶	۲/۹	۹/۵	۱/۸	۱/۱۰	۱/۸	۶/۵	۹/۵	۵/۴	۶/۴													
۱۶	*L. microcephalus*	۱/۵	۱/۹	۳/۱۰	۹/۷	۱/۹	۱/۵	۶/۷	۷/۷	۲/۲	۹/۴	۴/۹	۴/۱۲	۰/۱۱	۰/۱۲	۵/۱۰												
۱۷	*L. mursa*	۷/۸	۱/۱۰	۵/۹	۱/۸	۱/۱۰	۲/۹	۱/۸	۳/۹	۳/۹	۱/۸	۱/۱۰	۵/۱۲	۷/۹	۹/۱۰	۳/۱۰	۹/۹											
۱۸	*L. nasus*	۸/۴	۰/۶	۶/۷	۴/۵	۰/۶	۸/۴	۱/۵	۷/۵	۱/۵	۵/۰	۱/۷	۱/۹	۴/۸	۶/۹	۱/۸	۴/۵	۴/۸										
۱۹	*L. numidiensis*	۳/۷	۰/۴	۳/۴	۳/۴	۸/۴	۷/۶	۸/۳	۹/۴	۷/۸	۷/۵	۳/۴	۹/۵	۵/۳	۶/۴	۰/۴	۷/۸	۲/۹	۷/۵									
۲۰	*L. pallaryi*	۷/۸	۴/۵	۲/۶	۶/۵	۶/۵	۷/۸	۷/۵	۲/۶	۲/۱۰	۶/۷	۱/۵	۹/۷	۳/۴	۹/۴	۹/۵	۵/۱۰	۷/۱۰	۶/۷	۸/۴								
۲۱	*L. rabatensis*	۳/۹	۹/۵	۱/۵	۲/۶	۷/۶	۸/۹	۷/۵	۶/۵	۵/۱۰	۷/۸	۶/۵	۷/۶	۲/۲	۲/۱	۸/۴	۷/۱۱	۰/۱۰	۷/۸	۳/۴	۶/۴							
۲۲	*L. rifensis*	۴/۸	۱/۵	۸/۴	۸/۴	۳/۵	۰/۹	۳/۴	۵/۶	۶/۹	۸/۷	۳/۴	۵/۶	۵/۱	۰/۲	۵/۳	۴/۱۰	۲/۹	۹/۷	۰/۳	۳/۴	۲/۲						
۲۳	*L. sclateri*	۸/۳	۳/۷	۵/۱۰	۹/۷	۷/۸	۸/۴	۱/۸	۸/۸	۴/۵	۶/۵	۲/۱۰	۳/۱۲	۸/۹	۶/۱۱	۱/۱۰	۷/۶	۷/۱۰	۲/۶	۷/۸	۷/۱۰	۳/۱۱	۸/۹					
۲۴	*L. setivimensis*	۹/۴	۸/۸	۷/۹	۲/۸	۲/۱۰	۹/۵	۲/۸	۷/۹	۵/۶	۷/۵	۸/۱۰	۲/۱۱	۰/۱۱	۳/۱۲	۷/۱۰	۳/۷	۵/۱۰	۲/۶	۹/۹	۸/۱۰	۸/۱۰	۰/۱۱	۲/۶				
۲۵	*L. subquincunciatus*	۱/۹	۲/۱۰	۱/۱۱	۸/۱۰	۹/۱۲	۲/۱۰	۲/۱۰	۵/۱۱	۷/۹	۳/۱۰	۵/۱۰	۲/۱۴	۵/۱۲	۲/۱۳	۵/۱۲	۳/۱۰	۸/۱۲	۹/۱۰	۷/۱۰	۷/۱۱	۲/۱۲	۵/۱۲	۱/۱۱	۸/۱۱			
۲۶	*L. xanthopterus*	۵/۶	۱/۴	۶/۷	۸/۳	۶/۷	۱/۷	۳/۴	۸/۲	۰/۸	۱/۷	۵/۶	۹/۹	۶/۷	۴/۸	۰/۹	۵/۸	۲/۱۰	۱/۷	۷/۵	۸/۶	۹/۷	۳/۷	۱/۹	۷/۹	۳/۱۰		
۲۷	*Luciobarbus* sp. MMCN	۹/۴	۲/۸	۷/۹	۶/۷	۶/۹	۴/۵	۶/۷	۱/۹	۵/۶	۱/۵	۲/۱۰	۷/۱۱	۶/۱۱	۹/۱۲	۷/۱۰	۸/۶	۱/۱۱	۷/۵	۳/۹	۸/۱۰	۴/۱۱	۰/۱۱	۲/۶	۵/۱	۸/۱۱	۴/۹	
۲۸	*Luciobarbus* sp. MCL	۰/۹	۴/۶	۶/۴	۶/۵	۹/۵	۰/۹	۱/۵	۴/۸	۵/۱۰	۴/۸	۹/۵	۶/۴	۸/۴	۴/۵	۷/۲	۴/۱۱	۶/۱۰	۴/۸	۸/۴	۷/۶	۶/۵	۳/۴	۰/۱۱	۱/۱۱	۸/۱۲	۷/۸	۱/۱۱

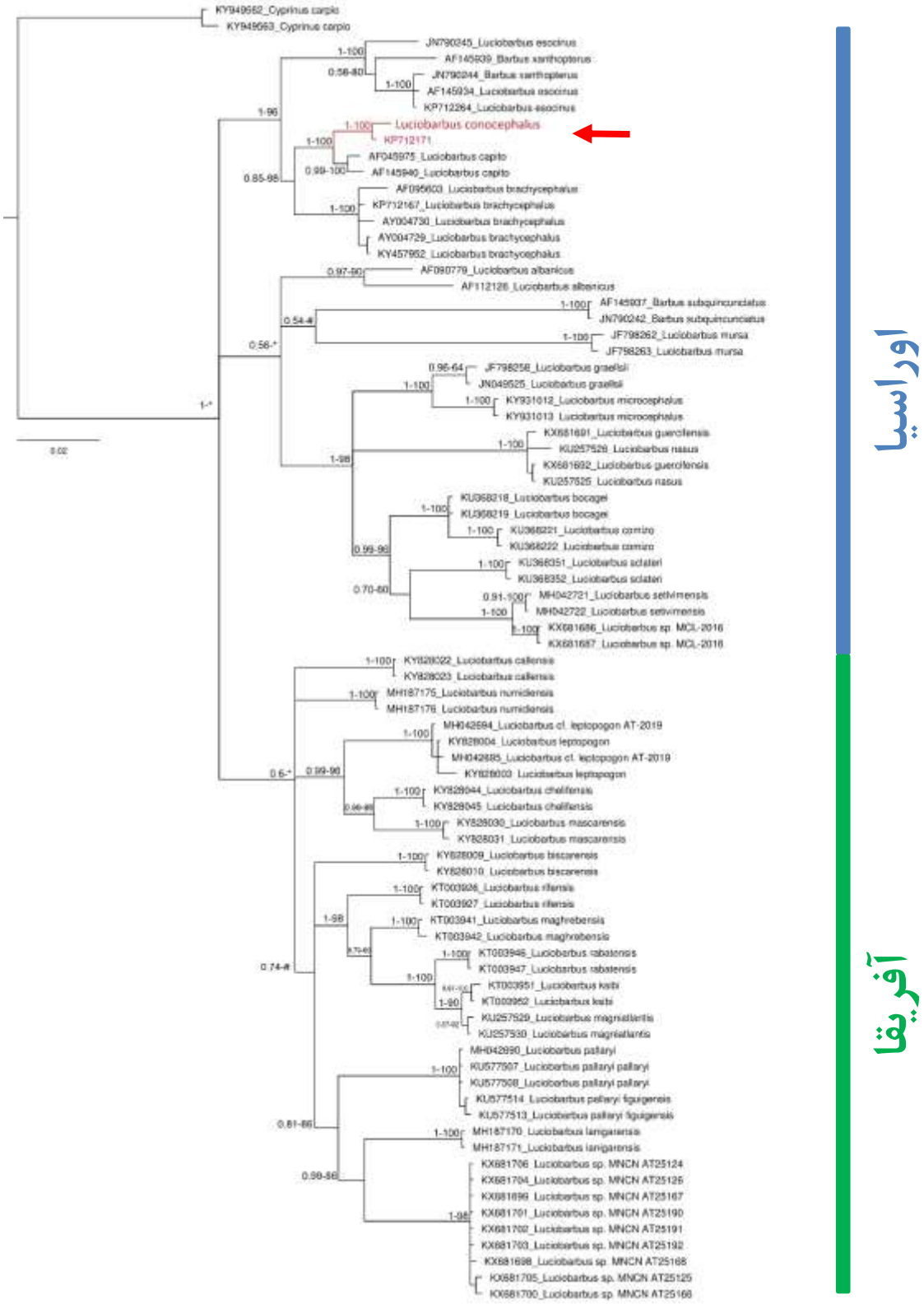
بین دو گونه *L. leptopogon* و *L. subquincunciatus* به دست آمد (جدول ۱). همچنین کمترین میزان فاصله ژنتیکی برای گونه *L. conocephalus* به میزان ۱/۵ درصد با گونه *L. capito* و بیشترین میزان آن نیز به مقدار ۱۰/۲ با گونه *L. subquincunciatus* محاسبه گردید.

بحث

در گذشته مزیت استفاده از ژن *Cytb* در مطالعات تبارشناسی و آزمودن نظریه‌های زیست جغرافیایی برای جنس *Luciobarbus* به اثبات رسیده است (Zardoya and Doadrio 1998; Tsigenopoulos and Berrebi, 2000; Machordom and Doadrio, 2001; Doadrio *et al*., 2002). در حالیکه پیش از این تصور می‌شد این جنس باید در دودمان *Barbus* قرار بگیرد، اما مطالعات Tsigenopoulos و همکاران (2003) نشان داد این دودمان مستقل از *Barbus* و تک نیایی (monophyletic) است. در مورد نحوه انتشار اعضای *Luciobarbus* نظریه‌های متقاوتی ارائه شده است، اما اغلب این نظریه‌ها بر انتشار سریع در بین چهار ناحیه ایکتیوژئوگرافی (خاورمیانه، شبه جزیره ایبری، شمالغرب آفریقا و یونان) تأکید دارد (Tsigenopoulos *et al*., 2003). بیشتر گونه‌های *Luciobarbus* می‌توانند با توجه به منشأ جغرافیایی آن‌ها مشخص گردند و به نظر می‌رسد که منشأ و توزیع امروزی آن‌ها تحت تأثیر رویدادهای بزرگ زمینشناختی نظیر بحران شوری مسینین (Messinian salinity crisis) بوده است (Tsigenopoulos and Berrebi, 2000; Machordom and Doadrio, 2001; Doadrio *et al*., 2002). بیشترین تنوع ژنتیکی در اعضای این جنس در گروه‌های محصور شده جغرافیایی مشاهد می‌شود که

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]



شکل ۳. درخت تبارشناسی ترسیم شده به روش‌های Maximum likelihood و Bayesian inference. شماره دسترسی نمونه‌ها در بانک NCBI قبل از نام گونه‌ها درج شده است. در شاخه‌هایی که عدد بوت استرپ زیر ۵۰ بوده از علامت * استفاده شده، در صورتی که شاخه در روش ML موجود نبوده روی شاخه علامت # قرار داده شده است.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]

تنها تکه کوچکی از تنوع ژنتیکی در بین آن‌ها توزیع شده، این مساله به طور کلی به عنوان شاهدی بر انتشار سریع (Rapid Radiation) اعضای این جنس شناخته می‌شود (Doadrio *et al*., 1998; Tsigenopoulos and Berrebi, 2000; Tsigenopoulos *et al*., 2002;).

با توجه به نتایج حاصل از ترسیم درخت تبارشناسی MI و BI گونه‌های اوراسیا و شمال آفریقا در دو خوشه مجزا با پشتوانه بالا قرار گرفته‌اند، پیش از این نیز جدا بودن دودمان گونه‌های آفریقای از گونه‌های اوراسیا در مطالعات دیگر نیز به اثبات رسیده بود (Tsigenopoulos *et al*., 2003). با توجه به نتایج (شکل ۳)، خوشه اوراسیا به چهار خوشه فرعی تقسیم می‌گردد که از این بین سه خوشه بین النهرین (گونه‌های *L. esocinus* و *L. xanthopterus*)، پونتو کاسپین (*L. brachycephalus*، *L. capito* و *L. conocephalus*) و شبیه جزیره ایبری (*L. graelsii*، *L. microcephalus*، *L. guercifencic*، *L. nasus*، *L. bocagei*، *L. comizo*، *L. sclateri*، *L. setivimensis* و *Luciobarbus* sp.) با حمایت بالا حمایت می‌شوند، اما خوشه چهارم (*L. subquincunciatus*، *L. mursa* و *L. albanicus*) در درخت ترسیم شده فاقد حمایت بالا است. ایجاد پولی‌تومی و دوشاخگی در بررسی روابط تبارشناسی دست‌کم می‌تواند ناشی از دو مسأله باشد، اول کمبود تاکسون‌های مورد مطالعه و یا عدم کارایی روش تجزیه و تحلیل و دوم همزمانی چندگانه وقایع گونه‌زایی. در گذشته نیز بسیاری از مطالعات در بازسازی تبارشناسی اعضای *Luciobarbus* به این مساله اشاره کرده بودند (Machordom and Doadrio, 2001; Doadrio *et al*., 2002; Tsigenopoulos *et al*., 2003; etc.).

همانطور که اشاره شد گونه *L. conocephalus* به تازگی از رودخانه هریرود برای اولین بارگزارش شده است (Jouladeh-Roudbar *et al*., 2020) اما در مورد اعتبار این گونه شک و تردید وجود دارد. این گونه در سال ۱۸۷۲ از رودخانه زرافشان در کشور ازبکستان معرفی شد. اما Berg (1949) آن را صرفاً به عنوان زیرگونه معتبر دانست ولی Coad (1995) این گونه را مترادف *L. capito* قرار داده و از درجه اعتبار ساقط نمود. حال می‌توان با توجه به نتایج حاصل از ترسیم درخت‌های تبارشناسی و فاصله ژنتیکی K2P ژن‌های سیتوکروم بی، فرضیه مطرح شده در مورد این گونه را پاسخ داد. نتایج این مطالعه نشان داد گونه *L. conocephalus* معتبر و مجزا از *L. capito* است. زیرا در درخت های ترسیم شده در خوشه مجزا با حمایت بالا قرار گرفته است، همچنین به طور میانگین در حدود ۱/۳۸ درصد با این گونه فاصله ژنتیکی دارد که در مقایسه با سایر گونه‌های مجاور به نظر فاصله قابل قبولی می‌باشد. پیش از این حداقل وجود پنج گونه مشترک *Alburnoides holciki*، *Alburnus taeniatus*، *Gobio nigrescens*، *Paracobitis longicauda* و *Sabanejewia aralensis* (گونه آخر صرفاً در هریرود افغانستان) بین حوضه هریرود و آمودریا به اثبات رسیده بود که این می‌تواند نشان‌دهنده ارتباط این دو حوضه در گذشته باشد (Coad, 2014; Jouladeh-Roudbar *et al*., 2016).

زیستگاه طبیعی گونه *L. conocephalus* در ایران رودخانه های هریرود و کشف است. در حال حاضر با توجه به خشک‌سالی‌های اخیر، رودخانه کشف خشک و به رودخانه فصلی تبدیل شده است و در مواقعی که در آن آب جریان می‌یابد نیز اغلب به دلیل شوری بالا آبزیان در آن یافت نمی‌شوند. رودخانه هریرود در ایران نیز چندان وضع مناسبی ندارد و پس از طی نمودن چند کیلومتر پس از سد دوستی خشک می‌گردد. بنابراین گستره زیستگاه این گونه در ایران به شدت با کاهش مواجه شده است. در حال حاضر تنها جمعیت در دسترس این گونه در سد دوستی یافت می‌شد که به شدت تحت فشار صید قرار دارد و از جمعیت احتمالی این گونه در افغانستان نیز اطلاعاتی در دسترس نیست.

در آخر باید بیان کرد که زردپر سرمخروطی تنها گونه جنس *Lucobarbus* است که در نیمه شرقی کشور ایران یافت می‌شود. از یک طرف خشک‌سالی و ازبین رفتن زیستگاه این گونه و از طرف دیگر صید، باعث کاهش جمعیت آن‌ها شده و احتمالاً در آینده نیز روند کاهش شدیدتر خواهد شد. بنابراین اگر به زودی از طرف سازمان حفاظت محیط زیست مورد حمایت و حفاظت قرار نگیرند، احتمالاً در آینده نه چندان دور شاهد قرار گرفتن زردپر سرمخروطی در زمره گونه‌های در معرض تهدید/خطر خواهیم بود.

تشکر و قدردانی

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]

نگارندگان این مقاله از جناب آقای دکتر بوریس لوین (B. Levin) بـه دلیـل در اختیـار گذاشـتن تـوالی‌هـای ژن *Cytb* زردپـر سرمخروطی از مکان مرجع (Type locality) این گونه، تشکر می‌نمایند. همچنین نویسندگان از آقای دکتر عـدنان شـهدادی و سه داور محترم دیگر، به جهت اصلاحات مقاله فوق سپاس‌گذاری می‌نمایند.

منابـع

Abell, R., Thieme M.L., Revenga, C., Bryer, M., Kottelat, M., Bogutskaya, N., Coad, B., Mandrak, N., Balderas, S.C., Bussing, W., Stiassny, M.L.J, Skelton, P., Allen G.R., Unmack, P., Naseka, A., Sindorf, N., Robertson, J., Armijo, E., Higgins, J.V., Heibel, T.J., Wikramanayake, E., Olson, D., López, H.L., Reis, R.E., Lundberg, J.G., Sabaj Pérez, M.H., Petry, P. 2008. Freshwater ecoregions of the world: a new map of biogeographic units for freshwater biodiversity conservation. Bioscience. 58: 403-414.

Berg, L.S. 1949. Freshwater fishes of the USSR and adjacent countries, 4th edition. Part 1. Akademia Nauk USSR, Moscow & Leningrad. 466 p.

Buonerba, L., Pompei, L., Lorenzoni, M. 2013. First record of Iberian barbel *Luciobarbus graellsii* (Steindachner, 1866) in the Tiber River (Central Italy). BioInvasions Records. 2(4): 297-301.

Coad, B.W. 2018. Freshwater fishes of Iran. Available from:http://www.briancoad.com/Species Accounts/Cyprinidae. Introduction and *Abramis* to *Cyprinus*.htm#Capoeta. Accessed 28 August 2014.

Coad, B.W. 1995. Freshwater fishes of Iran. Acta scientiarum naturalium. Academiae scientiarum Bohemicae – Brno. 29(1): 1-64.

Coad, B.W. 2014. Fishes of Afghanistan. Pensoft. 393 p.

Doadrio, I., Bouhadad, R., Machordom, A. 1998. Genetic differentiation and biogeography in Saharan populations of the genus *Barbus* (Osteichthyes, Cyprinidae). Folia Zoologica Praha. 47: 7-20.

Doadrio, I., Carmona, J.A., Machordom, A. 2002. Haplotype diversity and phylogenetic relationships among the Iberian barbels (*Barbus*, Cyprinidae) reveal two evolutionary lineages. Journal of Heredity. 93(2): 140-147.

Edler, D., Klein, J., Antonelli, A., Silvestro, D. 2021. raxmlGUI 2.0: a graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML. Methods in Ecology and Evolution. 12(2): 373-377.

Eschmeyer, W.N., Fricke, R., van der Laan, R. 2018. Catalog of Fishes: Genera, Species, References. http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp). Catalog of Fishes. Electronic Version. doi:10.11646/zootaxa.3882.1.1

Esmaeili, H.R., Coad, B.W., Gholamifard, A., Nazari, N., Teimori, A. 2010. Annotated checklist of the freshwater fishes of Iran. Zoosystematica Rossica. 19: 361-386.

Freyhof, J., Esmaeili, H.R., Sayyadzadeh, G., Geiger, M. 2014. Review of the crested loaches of the genus *Paracobitis* from Iran and Iraq with the description of four new species (Teleostei: Nemacheilidae). Ichthyological Exploration of Freshwaters. 25(1): 11-38.

Freyhof, J., Geiger, M.F., Golzarianpour, K., Patimar, R. 2016. *Sasanidus*, a new generic name for *Noemacheilus kermanshahensis* Bănărescu & Nalbant, with discussion of *Ilamnemacheilus* and *Schistura* (Teleostei, Nemacheilidae). Zootaxa. 4107(1): 65-80.

Gante, H.F., Doadrio, I., Alves, M.J., Dowling, T.E. 2015. Semi-permeable species boundaries in Iberian barbels (*Barbus* and *Luciobarbus*, Cyprinidae). BMC Evolutionary Biology. 15(1): 111-121.

Ghanavi, H.R., Gonzalez, E.G., Doadrio, I. 2016. Phylogenetic relationships of freshwater fishes of the genus *Capoeta* (Actinopterygii, Cyprinidae) in Iran. Ecology and Evolution. 6(22): 8205-8222.

Hall, T., Biosciences, I., Carlsbad, C. 2011. BioEdit: an important software for molecular biology. GERF Bulletin of Biosciences. 2(1): 60-61.

Javanmard, S., Yatagai, A., Nodzu, M.I., BodaghJamali, J., Kawamoto, H. 2010. Comparing high-resolution gridded precipitation data with satellite rainfall estimates of TRMM 3B42 over Iran. Advances in Geosciences. 25: 119-125.

Jouladeh-Roudbar, A., Eagderi, S., Esmaeili, H.R. 2016. First record of the striped bystranka, *Alburnoides taeniatus* (Kessler, 1874) from the Hari River basin, Iran (Teleostei: Cyprinidae). Journal of Entomology and Zoology Studies. 4(5): 788-791.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]

Jouladeh-Roudbar, A., Eagderi, S., Murillo-Ramos, L., Ghanavi, H.R., Doadrio, I. 2017. Three new species of algae-scraping cyprinid from Tigris River drainage in Iran Teleostei: Cyprinidae. FishTaxa. 2(3): 134-155.

Jouladeh-Roudbar, A., Ghanavi, H.R., Doadrio, I. 2020. Ichthyofauna from Iranian freshwater: Annotated checklist, diagnosis, taxonomy, distribution and conservation assessment. Zoological Studies. 59: 21. doi:10.6620/ZS.2020.59-21.

Jouladeh-Roudbar, A., Vatandoust, S., Eagderi, S., Jafari-Kenari, S., Mousavi-Sabet, H. 2015. Freshwater fishes of Iran; an updated checklist. AACL Bioflux. 8(6): 855-909.

Kottelat, M., Freyhof, J. 2007. Handbook of European freshwater fishes. Publications Kottelat. 646 p.

Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution. 33(7): 1870-1874.

Machordom, A., Doadrio, I. 2001. Evidence of a Cenozoic Betic–Kabilian connection based on freshwater fish phylogeography (*Luciobarbus*, Cyprinidae). Molecular Phylogenetics and Evolution. 18(2): 252-263.

Miller, S.A., Dykes, D., Polesky, H. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research. 16: 1215-1215.

Nylander, J.A.A. 2004. MrModeltest v2. Program distributed by the author. Evolutionary Biology Centre, Uppsala University.

Rambaut, A. 2009. FigTree v1. 3.1. http://tree. bio. ed. ac. uk/software/figtree/.

Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D.L., Darling, A., Höhna, S., Huelsenbeck, J.P. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. Systematic Biology. 61(3): 539-542.

Sevilla, R.G., Diez, A., Noren, M., Mouchel, O., Jerome, M., Verrez-Bagnis, V., Van Pelt, H., Favre-Krey, L., Krey, G., Consortium, T.F., Bautista, J.M. 2007. Primers and polymerase chain reaction conditions for DNA barcoding teleost fish based on the mitochondrial cytochrome *b* and nuclear rhodopsin genes. Molecular Ecology Notes. 7(5): 730-734.

Tsigenopoulos, C.S., Berrebi, P. 2000. Molecular phylogeny of North Mediterranean freshwater barbs (genus *Barbus*: Cyprinidae) inferred from cytochrome b sequences: biogeographic and systematic implications. Molecular Phylogenetics and Evolution. 14(2): 165-179.

Tsigenopoulos, C.S., Durand, J.D., Ünlü, E., Berrebi, P. 2003. Rapid radiation of the Mediterranean *Luciobarbus* species (Cyprinidae) after the Messinian salinity crisis of the Mediterranean Sea, inferred from mitochondrial phylogenetic analysis. Biological Journal of the Linnean Society. 80 (2): 207-222.

Tsigenopoulos, C.S., Kotlik, P., Berrebi, P. 2002. Biogeography and pattern of gene flow among *Barbus* species (Teleostei: Cyprinidae) inhabiting the Italian Peninsula and neighbouring Adriatic drainages as revealed by allozyme and mitochondrial sequence data. Biological Journal of the Linnean Society. 75(1): 83-99.

Yousefi, M., Jouladeh-Roudbar, A., Kafash, A. 2020. Using endemic freshwater fishes as proxies of their ecosystems to identify high priority rivers for conservation under climate change. Ecological Indicators. 112: 106-137.

Zardoya, R., Doadrio, I. 1998. Phylogenetic relationships of Iberian cyprinids: systematic and biogeographical implications. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences. 265(1403):1365-1372.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-04]

[DOR: 20.1001.1.23222751.1401.11.4.2.5]