



## Original Research Paper

## Population and genetic study of Green sea turtles (*Chelonia mydas*) in the northern Persian Gulf and Oman Sea, Iran

Asghar Mobaraki <sup>1</sup>, Eskandar Rastegar Pouyani <sup>2\*</sup>, Haji Gholi Kami <sup>3</sup>, Nematallah Khorasani <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Environment, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

<sup>2</sup>Department of Biology, Faculty of Basic Sciences, Hakim Sabzevari University, Sabzevar, Iran

<sup>3</sup>Department of Biology, Faculty of Science, Golestan University, Gorgan, Iran

### Key Words

Conservation  
Marine turtles  
Haplotype  
Persian Gulf

### Abstract

**Introduction:** As the only remnants of diverse and wide spread marine turtles from ancient time, modern marine turtles play important ecological, economical and cultural roles in our oceans and related human communities. Green sea turtle, *Chelonia mydas*, referred as the most valuable reptile of the world, and have its popularity and famousness owing the name of the order Chelonian and one of the remaining sea turtle families, Cheloniidae.

**Materials & Methods:** Totally 139 turtles in different life stages, from different sites and using the mentioned methods, captures and the collected data analyzed.

**Result:** Of all samples, the smallest and largest ones had a juvenile 26 cm and a male mature 96 cm length, respectively, the minimum and maximum weight also were 2.3 and 97 kg respectively. Considering the quality, totally 70 sequences with 694 bps were included in the final genetic analyses. Based on the phylogenetic trees, two main clades with 37 and 33 individuals were detected. In both clades, individuals from all sampling sites were present, indicating geographic distinction, convincing to suppose the all individuals as a one group. Total  $F_{ST}$  for two clades calculated 0.77 ( $p > 0.05$ ) which indicates high level of differentiation. As a whole population or as one group, 17 haplotypes were recognized with haplotype diversity ( $h$ ) of 0.8977 and nucleotide diversity ( $\pi$ ) of 0.0149. 13 haplotypes recorded as the new detected ones. Of all the 17 haplotypes, only four haplotypes have already been reported, sharing with six haplotypes including: two from Australia (KJ502589.1 and KJ502588.1), two haplotypes from Saudi Arabia (KP027611.1, KP027608.1), and one from Indonesia (KM357652.1) and one from south East Asia (KX057743.1). Haplotypes of 1 and 9 with 14 individuals had the highest frequency.

**Conclusion:** Haplotype network was drawn to represent the relationship between the all haplotypes of data set which the results and contribution of each locality in the groups. The network shows that the haplotypes form two main groups have 16 mutation steps which indicate their genetic distance and divergence.

\* Corresponding Author's email: [rastegarpouyani45@gmail.com](mailto:rastegarpouyani45@gmail.com)

Received: 25 March 2021; Reviewed: 22 April 2021; Revised: 26 June 2021; Accepted: 27 July 2021

(DOI): [10.22034/AEJ.2021.272230.2462](https://doi.org/10.22034/AEJ.2021.272230.2462)

## مقاله پژوهشی

## بررسی و مطالعه ژنتیکی جمعیت‌های تغذیه کننده لاک‌پشت دریائی سبز (*Chelonia mydas*) برای نخستین بار در ایران

اصغر مبارکی<sup>۱</sup>، اسکندر رستگارپویانی<sup>۲\*</sup>، حاجی قلی کمی<sup>۳</sup>، نعمت‌اله خراسانی<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup> گروه محیط زیست، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

<sup>۲</sup> گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه حکیم سبزواری، سبزوار، ایران

<sup>۳</sup> گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه گلستان، گرگان، ایران

## چکیده

## کلمات کلیدی

**مقدمه:** خانواده لاک‌پشت‌های دریایی به‌عنوان گونه‌های به‌شدت مهاجر و در معرض تهدید جهانی فواصل زیادی را مابین زیستگاه‌های لانه‌سازی و تغذیه‌ای طی می‌کنند. بخش‌های شمالی خلیج فارس و دریای عمان دربرگیرنده زیستگاه‌های قابل توجه تغذیه‌ای برای جمعیت‌های عمدتاً گونه لاک‌پشت سبز (*Chelonia mydas*) است. این مطالعه برای اولین بار در کشور و به‌منظور بررسی این جمعیت‌ها و شناسایی زیستگاه‌های تغذیه‌ای این گونه انجام گرفت.

**مواد و روش‌ها:** تعداد ۱۳۹ لاک‌پشت از زیستگاه‌های مختلف زنده‌گیری و ضمن بررسی ویژگی‌های ریخت‌شناسی با انجام نمونه‌برداری ساختار ژنتیکی آن‌ها نیز با استفاده از ژن ناحیه کنترل (D-loop) مورد مطالعه قرار گرفت.

**نتایج:** براساس نتایج، اندازه لاک‌پشت‌ها حاکی از حضور لاک‌پشت‌های عمدتاً جوان در منطقه بود. توالی ژن مورد استفاده به طول ۶۹۴ جفت باز و تجزیه و تحلیل آن‌ها با استفاده از ۷۰ فرد پس از مرتب‌سازی و اصلاح‌های مورد نیاز انجام شد و تعداد ۱۷ هاپلوتایپ به‌طور مشخص شناسایی شد که ۱۳ مورد آن به‌عنوان هاپلوتایپ جدید ثبت شدند. هرچند درخت‌های رسم شده با استفاده از روش‌های مختلف دو گروه مجزا را نشان می‌داد اما هر دو گروه دارای ترکیبی از هاپلوتایپ‌های شناسایی شده بودند. تنوع هاپلوتایپی و نوکلئوتیدی برای کل داده‌ها به ترتیب ۰/۸۹۷۷ و ۰/۰۱۴۹ محاسبه گردید که حاکی از میزان تنوع هاپلوتایپی بالا است.

**نتیجه‌گیری و بحث:** این میزان تنوع و نیز تعداد هاپلوتایپ‌های جدید نشان‌دهنده اهمیت زیستگاهی منطقه خلیج فارس و دریای عمان به‌عنوان منطقه تلاقی جمعیت‌های بخش غربی و شرقی این گونه است. عوامل تهدید کننده متعدد به‌ویژه تغییر و تبدیل زیستگاه‌ها و نیز مرگ و میر ناشی از صید جانبی در فعالیت‌های صیادی آسیب قابل توجهی را به گونه وارد می‌سازد.

## مقدمه

( $\pi$ ) نیز استفاده برد که در حقیقت بیانگر فاصله ژنتیکی افراد است (۵). تأیید و تصدیق بازگشت لاکپشت‌ها برای لانه‌سازی به‌همان سواحل‌ی که در آن متولد شده‌اند، بیان این‌که در بسیاری از جمعیت‌های لاکپشت‌های دریایی چند همسری (پدري) وجود دارد، ارتباط دادن مناطق تغذیه‌ای با مناطق لانه‌سازی، شناسایی جمعیت‌های مورد نظر، شناسایی ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها، شناسایی هیبریدها (دو رگه‌ها) و درک ارتباط بین جمعیت‌ها از مواردی هستند که از طریق مطالعه ژنتیکی برای حفاظت و زیست‌شناسی لاکپشت‌های دریایی می‌توان به آن‌ها پی برد (۶، ۷).

### معرفی گونه لاکپشت دریایی سبز *Chelonia mydas*:

لاکپشت‌های دریایی سبز، Green Sea Turtle، جالب توجه‌ترین گونه لاکپشت‌های دریایی است. بدن در افراد بالغ پهن و کاراپاس از دید بالا به شکل بیضی و عرض آن ۸۸ درصد طول آن است. سر به نسبت کوچک و حدود ۲۰ درصد طول کاراپاس که بین حدقه چشم‌ها یک جفت فلس جلو پیشانی بزرگ شده وجود دارد. آرواره پایینی با لبه مضرس و برنده که با لبه‌های قوی و برنده سطح داخلی آرواره بالا مطابقت دارد و با افزایش سن، این بریدگی‌ها از بین می‌رود. فلس‌های بزرگ روی لاک یا سپرهای روی لاک نازک، صاف و در صورت جدا شدن قابل انعطاف است و شامل ۴ جفت سپر کناری، ۵ سپر مرکزی و معمولاً ۱۲ جفت سپر حاشیه‌ای، است. فلس‌ها یا سپرهای لاک شکمی صاف و نازک‌تر بوده و شامل ۱۲ جفت فلس سپر در مرکز پلاسترون، که معمولاً یک سپر کوچک گردنی و بین دمی نیز دیده می‌شود. بر روی هر یک از باله‌های جلویی و عقبی یک ناخن وجود دارد (۲). این گونه به‌طور وسیعی در آب‌های مناطق حاره‌ای و زیر حاره‌ای، نزدیک سواحل قاره‌ها و جزایر اطراف و به ندرت در آب‌های مناطق معتدل پراکنش دارند. به همراه لاکپشت عقابی (*Eretmochelys imbricata*)، لاکپشت سبز حاره‌ای‌ترین گونه لاکپشت‌های دریایی هستند. اهداف اصلی مطالعه بررسی و مطالعه ژنتیکی جمعیت‌های تغذیه‌کننده لاکپشت دریایی سبز جهت حفاظت از این گونه شامل موارد زیر می‌باشد: شناسایی منشأ لاکپشت‌های موجود در مناطق تغذیه‌ای و ارتباط آن‌ها با عمده مناطق تولید مثلی، یافتن ارتباط بین مناطق لانه‌سازی و تغذیه‌ای لاکپشت‌ها و شناسایی مسیرهای مهاجرتی و زیستگاه‌های مهم، بررسی میزان تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف، شناسایی واحدهای مدیریتی و حفاظتی لاکپشت‌ها به‌عنوان گونه در معرض تهدید

## مواد و روش‌ها

مراحل انجام این تحقیق شامل بررسی زیستگاه‌ها و شناسایی مناطق تغذیه‌ای مناسب، صید و گرفتن لاکپشت‌ها، بیومتری و

راسته لاکپشت‌ها متشکل از ۱۴ خانواده است که دو خانواده *Cheloniidae* و *Dermodochelidae*، دربرگیرنده گونه‌های موجود لاکپشت‌های دریایی جهان است. (۱). لاکپشت‌های دریایی همراه مارهای دریایی و ایگواناها (*Iguana*) تنها زنده‌گانی هستند که با زندگی در آب دریا سازش یافته‌اند. در حال حاضر ۶ جنس و ۷ گونه از این لاکپشت‌های دریایی در جهان شناسایی، توصیف و معرفی شده‌اند (۲). بررسی و مطالعه روی لاکپشت‌های دریایی در مناطق تغذیه‌ای آن‌ها در مقایسه با مناطق لانه‌سازی آن‌ها بسیار اندک و کم بوده است. اگرچه لاکپشت‌های دریایی تنها یک درصد (۱٪) از عمر خود را در سواحل لانه‌سازی طی می‌کنند (به اشکال جنین، نوزاد و ماده‌های لانه‌ساز) اما تقریباً ۹۰٪ درصد مقالات منتشره بر روی زیست‌شناسی لاکپشت‌های دریایی براساس مطالعات انجام‌شده در سواحل لانه‌سازی است. مطالعه لاکپشت‌های دریایی در مرحله سطحی‌زی (پلاژیک) دارای اهمیت زیادی است زیرا این مرحله که عمدتاً سنین اولیه لاکپشت‌ها را شامل می‌شود عموماً کم‌تر شناخته شده است و اطلاعات بسیار اندکی از گونه‌ها/جمعیت‌های مختلف در دسترس است (۳). علاوه بر آن، شناسایی جمعیت‌های لاکپشت‌های دریایی در طول چرخه زندگی آن‌ها مورد توجه بررسی‌ها و مطالعات تحقیقاتی است. برای بررسی جمعیت‌های این گونه‌ها از سه روش پلاک‌گذاری (علامت‌گذاری)، مطالعات ژنتیکی و ردیابی ماهواره‌ای استفاده می‌شود که هر کدام معایب و محاسن خود را دارند (۳). علاوه بر شناسایی الگوهای پراکنشی، مهاجرتی و فراوانی جمعیت، شناسایی زیستگاه‌های مهم و بحرانی نیز دارای اهمیت و اولویت است. زیستگاه‌های تغذیه‌ای نیز علاوه بر زیستگاه‌های لانه‌سازی باید مورد حفاظت قرار گرفته و اطمینان حاصل شود که حداقل نیازهای زیستگاهی لاکپشت‌های دریایی تأمین می‌شود. این زیستگاه‌ها شامل مناطق تغذیه‌ای سطحی و بستر، زیستگاه‌های جفتگیری و بین فواصل لانه‌سازی و کوریدورهای مهاجرتی است که برای جابجایی بین زیستگاه‌ها مورد استفاده لاکپشت‌ها قرار می‌گیرند (۲، ۴). تنوع ژنتیکی یکی از مهم‌ترین ویژگی‌های یک جمعیت به‌شمار می‌رود و با توجه به تغییرات مدام محیط، به‌عنوان ابزاری برای تکامل و سازگاری گونه‌ها با شرایط جدید عمل می‌کند. بنابراین ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود یک جمعیت از مهم‌ترین اهداف مطالعه ژنتیکی جمعیت بوده و کاربرد مهمی در زیست‌شناسی حفاظت گونه خواهد داشت. اساس برآورد این تنوع فراوانی آلل‌ها یا ژنوتیپ‌ها است. استفاده از تعداد و فراوانی هاپلوتیپ‌های میتوکندریایی (*h*) یکی از روش‌های محاسبه تنوع ژنتیکی است. از طرفی نیز می‌توان از شاخص تنوع نوکلئوتیدی

تغذیه‌ای با پوشش علفی و جلبکی مناسب، با بررسی‌های میدانی و تجربیات مطالعات قبل و نیز مد نظر قرار دادن فواصل و امکان ارتباطات جمعیتی، خلیج نایبند در استان بوشهر، جزایر لاوان، هنگام، هندورابی، فارور و قشم در خلیج فارس و حوزه شهرستان چابهار در دریای عمان به‌عنوان ایستگاه‌های نمونه‌برداری انتخاب شدند (شکل ۱).

جمع‌آوری داده‌ها، تهیه نمونه بافت برای انجام مطالعه ژنتیکی، انجام مطالعات مولکولی در آزمایشگاه، تجزیه و تحلیل آماری و نیز تجزیه و تحلیل نتایج داده‌های ژنتیکی است. لذا این مراحل به‌صورت جداگانه در ادامه شرح داده خواهند شد. محدوده مورد مطالعه پهنه خلیج فارس و دریای عمان می‌باشد، لیکن به‌علت وسعت زیاد و نیز بوم‌شناسی گونه لاک‌پشت سبز و امکان حضور تنها در زیستگاه‌های مناسب



شکل ۱: موقعیت محل‌های زنده‌گیری و نمونه‌برداری از لاک‌پشت‌های سبز

ترازوی کشتی عقربه‌ای وزن‌کشی و ثبت شدند. در برخی موارد نیز بررسی و پایش سواحل برای یافتن لاک‌پشت‌های تازه تلف‌شده بر اثر عوامل مختلف نیز برای ثبت تلفات و انجام نمونه‌برداری و زیست‌سنجی دیگر روش مورد استفاده برای جمع‌آوری داده‌های مورد نظر بود. در این روش تنها از لاک‌پشت‌هایی استفاده شد که تازه تلف‌شده بودند و تخریب خاصی بر روی لاک آن‌ها برای ممانعت از زیست‌سنجی وجود نداشت. در ایستگاه‌های چابهار و عسلویه چندین مورد لاک‌پشت‌های گرفتار شده در آب‌شیرین‌کن‌ها که الزاماً می‌بایست زنده‌گیری و رهاسازی می‌شدند برای جمع‌آوری داده، مورد استفاده قرار گرفتند. داده‌های حاصل با استفاده از نرم‌افزار SPSS Ver.23 مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. برای انجام مطالعات ژنتیکی با توجه به مطالعات و بررسی‌های انجام یافته در سطح جهان و مزیت‌های علمی مطرح، از ژن ناحیه کنترلی (D-loop) استفاده شد. برای این منظور نیز لایه نازکی از پوست ناحیه شانه به‌اندازه کوچک حدود ۴ میلی‌متری با تیغ جراحی بریده و در کرایو تیوب‌های ۱/۵ میلی‌لیتری حاوی الکل ۹۸٪ ذخیره و برای نگهداری به فریزر با دمای منفی ۲۰ درجه سانتی‌گراد منتقل شدند. استخراج DNA با روش آمونیوم استات (NH<sub>4</sub>Ac) مطابق با پروتوکول ارائه شده انجام گرفت (۸). تکثیر ژن

**نمونه‌برداری و صید لاک‌پشت‌ها:** برای انجام نمونه‌برداری و جمع‌آوری داده‌ها از چندین روش حسب شرایط، نظیر روش صید لاک‌پشت‌ها از دریا، استفاده از لاک‌پشت‌های تازه تلف‌شده و صید لاک‌پشت‌های گرفتار در حوضچه‌های آب‌شیرین‌کن‌های عسلویه و چابهار استفاده شد. برای زنده‌گیری از دریا، ضمن گشت‌زنی‌های متوالی در نزدیک ساحل و نیز استفاده از اطلاعات مردم بومی و محلی، نقاط تجمع لاک‌پشت‌ها در دریا شناسایی و با تور صیادی طولیل محاصره و پس از گرفتار شدن لاک‌پشت‌ها در تور آن‌ها را با دست گرفته و به قایق منتقل می‌شدند. در برخی موارد نیز از لاک‌پشت‌های به دام افتاده در تورهای صیادان محلی استفاده شد. از تمامی ۱۳۹ لاک‌پشت، تصاویر مورد نیاز تهیه شده و تمامی لاک‌پشت‌هایی که به‌اندازه کافی بزرگ بودند با استفاده از پلاک‌های تیتانیوم باله‌ای پلاک‌گذاری شدند. پلاک‌ها بر روی حاشیه عقبی باله سمت چپ و بین فلس‌های بزرگ دوم و سوم نصب شدند. این عملیات اولین مورد پلاک‌گذاری لاک‌پشت‌های تغذیه‌کننده در ایران بود. برای بررسی‌های ریخت‌شناختی طول و عرض منحنی کاراپاس با استفاده از متر نواری فایبرگلاس اندازه‌گیری و مقادیر به نزدیک‌ترین عدد صحیح گرد و ثبت شدند. سپس لاک‌پشت‌ها با استفاده از

جمعیت‌ها و میزان ارتباط بین افراد مختلف با یکدیگر را به دست آورد. برای بررسی ارتباط بین نمونه‌ها و ارتباط فیلوژنی بین آن‌ها درخت‌های مربوطه براساس روش الحاق همسایگی، حداکثر پارسیمونی، بی‌زین و محتمل‌ترین درخت با استفاده از نرم‌افزار Paup v. beta 4 و Mr Bayes V. 3.2.5 رسم شد (۱۲). برای بررسی میزان پلی مورفیسم نیز از آزمون Tajima D (۱۳)، که بر اساس آزمون ارتباط بین تنوع نوکلئوتیدی و مناطق متفاوت انفرادی (Segregating sites) منطبق است که مثبت بودن آن به معنی تکامل انتخابی و بیش‌تر بودن هاپلو تایپ‌ها نسبت به مناطق متفاوت انفرادی و انتخاب متعادل و متوازن در شکل‌گیری اخیر جمعیت مورد مطالعه است. در هر یک از ایستگاه‌ها یا محل‌های نمونه‌برداری نیز عوامل مشهود تهدیدکننده مختلف که به نحوی می‌تواند بقاء لاک‌پشت‌ها را به خطر بیندازد مورد بررسی قرار گرفت و ثبت شد. علاوه بر این مناطق تجمع لاک‌پشت‌ها نیز که محل زنده‌گیری آن‌ها بود به‌عنوان مناطق مستعد و مناسب تغذیه‌ای ثبت گردید.

## نتایج

داده‌های جمع‌آوری شده زیست‌سنجی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند و میانگین از تمام نمونه‌ها برای متغیرهای اندازه‌گیری شده به دست آمده و سپس میانگین کلی برای تمامی اندازه‌ها و متغیرها محاسبه گردید. نتایج این تجزیه و تحلیل و میانگین هر محل در جدول ۱ و شکل ۲ ارائه شده است.

هدف مطالعه از طریق PCR نیز با استفاده از یک زوج پرایمر زیر که توسط محققین مختلف برای تکثیر بخشی از ژن D-Loop در گروه‌های مختلف لاک‌پشتان دریایی استفاده شده (۹) انجام یافت:

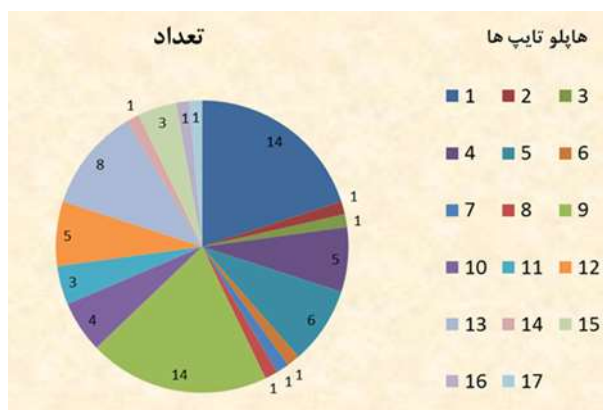
LTEi9F: 5'-GAATAATCAAAAAGAGAAGG- 3 'H950R:  
5'- GTCTCGGATTTAGGGGTTT- 3:

شرایط انجام فرایند پی‌سی‌آر برای تمامی نمونه‌های *Chelonia mydas* برای ژن D-loop به‌قرار زیر بوده است: برای واسرشته‌شده اولیه مدت ۴ دقیقه در درجه حرارت ۹۴ درجه سانتی‌گراد، مرحله دوم به مدت ۴۰ ثانیه در درجه حرارت ۹۴ درجه سانتی‌گراد، سپس به مدت ۴۰ ثانیه در درجه حرارت ۴۵ درجه سانتی‌گراد و سپس ۱ دقیقه در درجه حرارت ۷۲ درجه سانتی‌گراد قرار گرفت و این چرخه ۳۳ بار تکرار شد. در مرحله سوم، مدت ۱۰ دقیقه در درجه حرارت ۷۲ درجه سانتی‌گراد در مرحله چهارم، به مدت ۸ دقیقه در درجه حرارت ۱۰ درجه سانتی‌گراد. کمیت و کیفیت DNA استخراج‌شده و محصولات PCR با استفاده از دستگاه نانودراپ سنجیده شده و در نهایت محصولات PCR که دارای غلظت قابل قبول و مناسب بودند (بین ۵۰ تا ۱۲۰ نانوگرم در میکرولیتر) برای انجام توالی‌یابی به کره جنوبی و شرکت ماکروژن ارسال گردیدند. توالی‌ها پس از دریافت از کشور کره در نرم‌افزارهای بایو ادیت (BioEdit 7.1.9) از نظر کیفیت مورد بررسی قرار گرفته و در نهایت ۷۰ توالی با کیفیت مناسب پس از انجام اصلاحات لازم به طول ۶۹۴ باز مرتب‌سازی (Align) شدند (۱۰). برای تجزیه و تحلیل نتایج و توالی‌های مرتب‌شده از نرم‌افزارهای مگا، آرلکوئین (Arlequin 3.1) و نیز DNAsp5 (۱۱) استفاده شد تا بتوان به ترتیب شاخص‌های مرتبط با تنوع ژنتیکی شامل تنوع هاپلو تایپی و نوکلئوتیدی و نیز

جدول ۱: نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل داده‌های زیست‌سنجی لاک‌پشت‌های زنده‌گیری شده

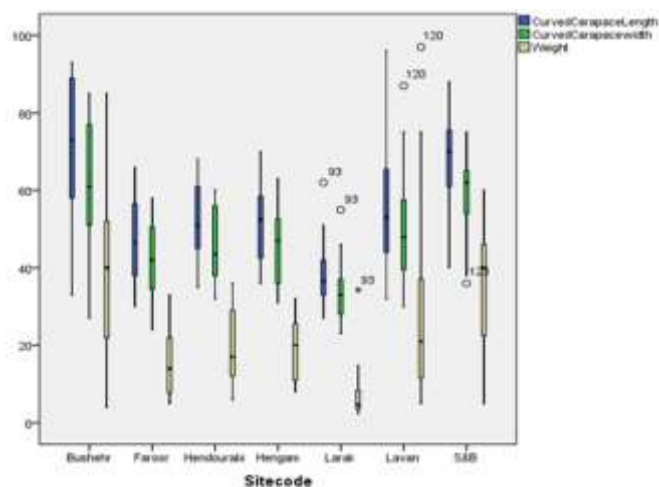
ردیف	محل نمونه‌برداری	تعداد لاک‌پشت	میانگین طول منحنی کاراپاس (سانتی‌متر) (s.e.)	میانگین عرض منحنی کاراپاس (سانتی‌متر) (s.e.)	میانگین وزن (کیلوگرم) (s.e.)
۱	بوشهر	۱۷	69.82 (4.89)	60.24 (4.33)	40.77 (6.61)
۲	فارور	۳۲	47.20 (1.82)	41.94 (1.63)	15.10 (1.39)
۳	هندورابی	۶	51.83 (4.77)	45.50 (4.39)	19.50 (4.55)
۴	هنگام	۲۰	51.15 (2.19)	45.20 (2.07)	18.55 (1.68)
۵	لازک	۱۸	38.16 (2.11)	34.00 (1.90)	7.54 (1.70)
۶	لاوان	۲۷	56.88 (3.03)	50.22 (2.63)	28.75 (4.26)
۷	سیستان و بلوچستان	۱۹	66.26 (3.27)	58.53 (2.67)	33.84 (3.85)

دهنده دو گروه مجزا بودند، لیکن با توجه به این که از تمامی محل های نمونه برداری افرادی در هر دو گروه حاضر بودند امکان جدائی و تفکیک جغرافیائی آن ها به عنوان دو جمعیت مجزا میسر نبود و به همین لحاظ کل نمونه ها به عنوان یک گروه یا جمعیت واحد متشکل از افراد مختلف تلقی شدند و بقیه تجزیه و تحلیل ها بر همین اساس انجام شد. با در نظر گرفتن کل نمونه ها به عنوان یک جمعیت، میزان تنوع هاپلوتایپی ( $h$ ) با استفاده از DNASP به میزان  $0.8977$  محاسبه گردید که نشان دهنده میزان بالای تنوع در نمونه های بررسی شده است (۱۴). از تعداد کل ۱۷ هاپلوتایپ شناسایی شده، هاپلوتایپ های شماره ۱ و ۹ با ۱۴ فرد بیشترین فراوانی و بعد از آن هاپلوتایپ ۱۳ با ۸ فرد بیشترین فراوانی را داشتند. تعداد ۸ هاپلوتایپ نیز با ۱ فرد کمترین فراوانی را به خود اختصاص دادند. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل توالی های نمونه ها و هاپلوتایپ های به دست آمده در جدول ۲ و شکل ۴ ارائه شده است.



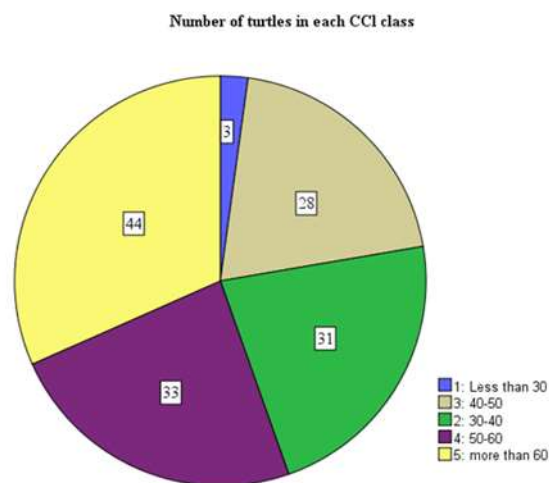
شکل ۴: تعداد و فراوانی هر کدام از هاپلوتایپ های شناسایی شده در این مطالعه

میزان تنوع نوکلئوتیدی کل ( $\pi$ ) برابر با  $0.1479$  محاسبه گردید. از دیگر متغیرها یا شاخص های بررسی شده و نتایج حاصل با استفاده از نرم افزار DNASP می توان به تعداد سایت های پلی مورفیک اشاره کرد که به تعداد ۳۰ سایت مشخص شد. از این میزان تعداد ۲۴ سایت به شکل Parsimony informative و تعداد ۶ سایت به شکل مناطق متفاوت منحصربه فرد (Singleton) بودند. عدد Tajima  $D$  در آزمون  $1/955$  به دست آمد که معنی دار نبوده و مثبت بودن آن به معنی تکامل انتخابی و بیش تر بودن هاپلوتایپ ها نسبت به مناطق متفاوت انفرادی و انتخاب متعادل و متوازن در شکل گیری اخیر جمعیت مورد مطالعه است.



شکل ۲: نمودار باکس پلات نتایج بررسی داده های زیست سنجی اندازه لاک پشت ها

طول منحنی کاراپاس ثبت شده را به ۵ گروه به ترتیب: کم تر از ۳۰، ۳۰ الی ۴۰، ۴۰ الی ۵۰، ۵۰ الی ۶۰ و بیش تر از ۶۰ سانتی متر تقسیم بندی و تعداد لاک پشت ها در هر گروه مشخص شد که نشان دهنده اندازه و فراوانی لاک پشت ها در هر گروه است. گروه پنجم با تعداد ۴۴ فرد و گروه اول با تعداد ۳ فرد به ترتیب بیش ترین و کم ترین فراوانی را دارا بودند (شکل ۳).



شکل ۳: طبقه بندی لاک پشت های زنده گیری شده بر اساس طول منحنی کاراپاس

ژنتیک جمعیت لاک پشت سبز در ایران: بر اساس کیفیت توالی های به دست آمده تعداد ۷۰ نمونه در تجزیه و تحلیل های ژنتیکی استفاده شدند. هر چند درخت های به دست آمده از نمونه ها نشان

جدول ۲: اطلاعات مربوط به هاپلوتایپ‌های ثبت شده از لاک پشت سبز

محل	افراد (لاک پشت‌ها)	s.d.	% فراوانی	تعداد-فراوانی	هاپلوتایپ
لاوان، لارک، هندورابی، هنگام، قشم، بوشهر، سیستان و بلوچستان	CmLav01, CmLav02, CmLar01, mFar03, CmBus04, CmS&B02, CmHeg03, CmBus05, CmHeg11, CmLar11, CmQus05, CmFar06, CmLar06, CmFar07	۰/۰۴۹۴	۰/۲	۱۴	۱
لاوان، لارک، هندورابی، هنگام، قشم، بوشهر، سیستان و بلوچستان	CmLav05, CmLav06, CmHeg04, CmLar05, CmLav08, CmHeg12, CmHeg05, CmQus03, CmBus1b, CmHen03, CmS&B1, CmBus11, CmS&B04, CmHeg09,	۰/۰۴۲۸	۰/۲	۱۴	۹
لاوان، بوشهر، لارک، هنگام، هندورابی و سیستان و بلوچستان	CmLav09, CmBus07, CmLar08, CmBus10, CmLar10, CmHen04, CmHeg13, CmS&B07	۰/۰۳۸۳	۰/۱۱۴۳	۸	۱۳
بوشهر، هندورابی و لارک	CmBus02, CmBus03, CmHen06, CmLar13, CmLar3b, CmLar14	۰/۰۳۳۷	۰/۰۸۵۷	۶	۵
هنگام، بوشهر، هندورابی، لارک	CmHen01, CmBus01, CmHen02, CmHeg02, CmLar02	۰/۰۳۱۰	۰/۰۷۱۴	۵	۴
سیستان و بلوچستان، هندورابی، بوشهر و فارور	CmS&B03, CmHen05, CmBus12, CmFar12, CmS&B12	۰/۰۳۱۰	۰/۰۷۱۴	۵	۱۲
لاوان، لارم و فارور	CmLav07, CmLar04, CmLav11, CmFar10	۰/۰۲۹۷	۰/۰۵۷۱	۴	۱۰
بوشهر و قشم	CmBus06, CmBus09, CmQus04	۰/۰۲۴۴	۰/۰۴۲۹	۳	۱۱
سیستان و بلوچستان، بوشهر و لاوان	CmS&B09, CmBus13, CmLav04	۰/۰۲۰۱	۰/۰۴۲۹	۳	۱۵
قشم	CmQes01	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۲
فارور	CmFar01	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۳
سیستان و بلوچستان	CmS&B01	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۶
لاوان	CmLav03	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۷
فارور	CmFar04	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۸
قشم	CmQus02	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۱۴
فارور	CmFar11	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۱۶
لاوان	CmLav12	۰/۰۱۴۳	۰/۰۱۴۳	۱	۱۷

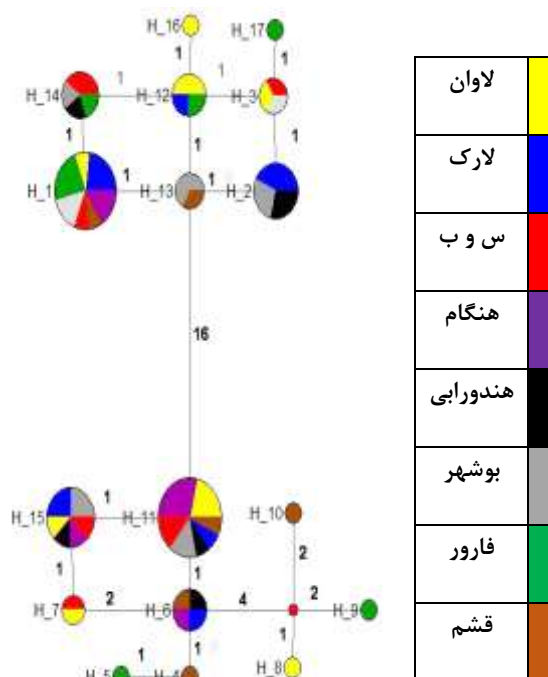
نمونه‌هایی که با هاپلوتایپ‌های خارجی در ارتباط بودند در جدول ۳ ارائه شده است. همان‌طور که مشخص است نمونه‌هایی از عربستان سعودی، استرالیا، اندونزی، جنوب شرق آسیا در این لیست مشارکت دارند و نشان‌دهنده ارتباط جمعیتی بین این مناطق جغرافیایی هستند.

برای بررسی هاپلوتایپ‌های موجود در توالی‌های به دست آمده از مطالعه انجام شده، برای مجموعه توالی‌های هم‌ردیف شده با طول ۶۹۴ باز، شبکه هاپلوتایپی با استفاده از نرم‌افزارهای Network 5 ترسیم شده و ارتباط بین هاپلوتایپ‌های موجود بررسی شد (شکل ۵). لیست نمونه‌ها یا هاپلوتایپ‌های مرتبط با نمونه‌های ایران و نیز

جدول ۳: هاپلوتایپ‌های ثبت شده در سایر مطالعات در سطح جهان

منبع	منطقه ثبت شده هاپلوتایپ	نمونه‌های استفاده شده در این مطالعه	هاپلوتایپ‌های شناسائی و ثبت شده در سایر نقاط جهان	ردیف
۱۵	۱- جنوب شرق آسیا	Lav03	۱-KX057743.1	۱
۱۶	۲- استرالیا		۲-KJ502589.1	
۱۷	عربستان سعودی	Bus06, Que04, Bus09	KP027611.1	۲
۱۷	عربستان سعودی	Hen01, Bus01, Hng02 Lar02	KP027608.1	۳
۱۶	۱- استرالیا		۱-KJ502588.1	
۱۸	۲- اندونزی	Que02	۲-KM357652.1	۴

از یکدیگر است. مهم‌تر این‌که زیستگاه‌های خلیج فارس و دریای عمان ترکیب یا آمیخته‌ای از نمونه‌های غرب خلیج فارس و جنوب شرق آسیا و استرالیا است (جدول ۴) و با توجه به این‌که اغلب لاک‌پشت‌های زنده‌گیری و نمونه‌برداری شده متعلق به گروه‌های سنی جوان می‌باشند می‌توان این نتیجه‌گیری را به عمل آورد که جمعیت‌های مختلف لاک‌پشت‌های سبز از مناطق مذکور که احتمالاً زادگاهشان است، پراکنده شده و برای مدتی نامعلوم از زیستگاه‌های شمال خلیج فارس و دریای عمان به‌عنوان زیستگاه‌های تغذیه‌ای و رشد و نمو خود استفاده می‌کنند. علاوه بر این وجود لاک‌پشت‌های با ساختار ژنتیکی مشابه در گستره نمونه‌برداری شده نشان‌دهنده مهاجرت‌ها یا جابجایی‌های محلی و منطقه‌ای آن‌ها نیز است به این معنی که لاک‌پشت‌های سبز در سنین مختلف بین زیستگاه‌های مناسب خلیج فارس و دریای عمان دائم در حال جابجایی می‌باشند. لاک‌پشت‌های سبز موجود در خلیج فارس و دریای عمان ترکیبی از جمعیت‌های زادآور در عربستان و جنوب شرق آسیا و استرالیا هستند و با توجه به چرخه زندگی لاک‌پشت‌های دریایی این لاک‌پشت‌ها فواصل و مسیرهای مختلف را تا رسیدن به این زیستگاه‌ها طی می‌کنند و در گستره خلیج فارس و دریای عمان به هم می‌پیوندند. نظر به وجود جمعیت هرچند بسیار کوچک و اندک لاک‌پشت‌های سبز لانه‌ساز در ایران در جزیره خارگو (۲۰)، سواحل سیستان و بلوچستان (۲۱) و برخی جزایر نظیر شیدور (۲۲) می‌توان انتظار داشت که از این جمعیت کوچک لانه‌ساز نیز مشارکتی در گروه‌های تغذیه‌کننده لاک‌پشت‌های سبز در خلیج فارس و دریای عمان وجود داشته باشد. بخش غربی خلیج فارس در کشور عربستان و برخی از جزایر نظیر کاران و جانا از مهم‌ترین مناطق تخم‌گذاری و لانه‌سازی لاک‌پشت‌های سبز در این منطقه می‌باشند (۲۳)، علاوه بر آن در کویت نیز تعداد اندکی از این گونه لانه‌سازی می‌کنند (۲۴). یکی از بزرگ‌ترین و مهم‌ترین جمعیت‌های لاک‌پشت‌های سبز جهان در کشور عمان قرار دارد که از مشهورترین و قابل‌ذکرترین مناطق لانه‌سازی به مسیره می‌توان اشاره نمود که سالانه بیش از ۲۳ هزار لاک‌پشت‌های سبز در آن لانه‌سازی می‌کنند (۲۵). قرار گرفتن این دو منطقه مهم لانه‌سازی لاک‌پشت‌های سبز در طرفین خلیج فارس و دریای عمان به معنی مشارکت زاده‌های این جمعیت‌ها در زیستگاه‌های تغذیه‌ای در شمال خلیج فارس و دریای عمان است. متأسفانه با توجه به این‌که بررسی‌های ژنتیکی انجام‌گرفته در این دو کشور براساس استفاده از طول کوتاهی از توالی D-Loop بوده امکان مقایسه و تحلیل توالی‌های به‌دست‌آمده از بررسی حاضر با آن‌ها به‌درستی وجود نداشت. در مطالعه انجام‌شده در کشور عمان ۶ هاپلو تایپ در ۴۲ نمونه مورد بررسی با تنوع ژنتیکی ( $h$ ) و نوکلئوتیدی ( $\pi$ ) برای گونه لاک‌پشت‌های سبز به ترتیب ۰/۷۰۶ و ۰/۷۰۶ عنوان شده



شکل ۵: شبکه هاپلو تایپی برای نمونه‌های بررسی شده لاک‌پشت‌های سبز در ایران در این مطالعه

## بحث

لاک‌پشت‌های دریایی گونه‌هایی به‌شدت مهاجر هستند که علاوه بر مهاجرت‌های لانه‌سازی یا تولیدمثلی در وقفه‌های معمولاً ۲-۳ ساله، در زیستگاه‌های تغذیه‌ای خود نیز مدام در حال جابجایی می‌باشند. بنابراین انتظار می‌رود جمعیت‌های تغذیه‌کننده در یک‌زمان و مکان معین ترکیب یا مخلوطی از جمعیت یا گروه‌های جمعیتی مختلف و از مرزها یا گستره‌های سیاسی مختلف باشند. شناسایی این جمعیت‌ها یا گروه‌های مختلف از لاک‌پشت‌ها در زیستگاه‌های تغذیه‌ای از اولویت‌های مطالعاتی و پژوهشی مناطق تغذیه است که می‌توان با استفاده از روش‌های پلاک‌گذاری یا علامت‌گذاری، ردیابی ماهواره‌ای و مطالعات ژنتیکی به آن دست یافت (۳). یافته‌های متعدد نشان دهنده آن است که دسته‌های تغذیه‌کننده لاک‌پشت‌های سبز در مناطق تغذیه‌ای مجموعه‌ای از جمعیت‌هایی با ساختار ژنتیکی متفاوت هستند (۱۹). نظر کلی در شبکه به‌دست‌آمده و نیز تعداد و ترکیب هاپلو تایپ‌ها نشان‌دهنده عدم وجود یا شکل‌گیری بخش‌های جغرافیایی مجزا برحسب ساختار ژنتیکی لاک‌پشت‌ها است. برای مثال مشاهده نمونه‌های سیستان و بلوچستان، بوشهر، فارور و سایر مناطق در یک گروه یا هاپلو تایپ، نشان‌دهنده عدم تفکیک جغرافیایی لاک‌پشت‌ها



و توجه به مسیرهای مهاجرتی بین این مناطق از نظر حفاظتی بسیار مهم خواهد بود. براساس این که طبقه‌بندی الگوهای تنوع‌زیستی نقش مهمی در تهیه برنامه‌های حفاظتی دارد، برهمن اساس Spadling و همکاران، در مقاله جامع خود تحت عنوان marine ecoregions of the world (نواحی بوم‌شناختی دریایی جهان) خلیج فارس و دریای عمان را با شماره‌های ۹۰ و ۹۱ از مهم‌ترین این مناطق در جهان معرفی کرده‌اند (۳۲). از طرفی دیگر اعتقاد بر این است که جدائی یا ایجاد تنوع در جمعیت‌ها و بوم‌زادی بالا در برخی مناطق اقیانوسی نظیر بین اقیانوس هند و آرام را می‌توان ثمره جدائی جغرافیایی که توسط جریان‌های اقیانوسی تشدید می‌گردد، دانست که خود منجر به کاهش جریان ژنی خواهد بود (۲۴). چنین شرایط یا ویژگی را نیز می‌توان به‌احتمال در مورد جمعیت‌های گونه لاک‌پشت سبز در منطقه خلیج فارس نیز متصور بود. Sheppard و همکاران، در مقاله جامع خود خلیج فارس را به‌عنوان یک دریای جوان اما در حال زوال معرفی می‌کنند که عامل آن تغییرات و ساخت‌وسازهای بنیادی و توسعه‌ای و فعالیت‌های مربوطه است (۳۳). در این میان بسترهای جلبکی و علف‌های دریایی را به‌عنوان یکی از زیست‌بوم‌های متنوع خلیج فارس مستعد تخریب و فروافت ناشی از فعالیت‌های توسعه‌ای در سطح کلان می‌دانند. این بدان مفهوم است که زیستگاه‌های مهم و عمده اصلی لاک‌پشت‌های سبز نیز به‌یقین متأثر از این عوامل تهدیدکننده و تخریب‌های ناشی از این فعالیت‌های توسعه‌ای خواهند بود. هرچند براساس نتایج این مقاله منطقه خلیج فارس از جنبه‌های مختلف به‌عنوان منطقه‌ای با تنوع‌زیستی پائین شناخته می‌شود، اما در این میان تنوع ژنتیکی مشاهده‌شده در جمعیت‌های لاک‌پشت سبز آن بسیار قابل‌ملاحظه است. آن‌ها به‌مانند سایر محققین معتقدند که عوامل تهدیدکننده ناشی از تغییر و تبدیل مناطق ساحلی به پایداری خلیج فارس آسیب‌زده و متعاقباً گونه‌های موجود در آن را نیز تهدید می‌کنند. در این میان گونه‌های در معرض تهدید نظیر لاک‌پشت‌های دریایی سبز و منقار‌عقابی مستعد آسیب‌پذیری بیش‌تری از این عوامل تهدیدکننده هستند، ضمن این که نباید اثرات تجمعی عوامل تهدیدکننده را نادیده‌انگاشت. علاوه بر آن، ویژگی‌های منحصر به‌فرد خلیج فارس به‌خصوص ویژگی‌های غیرمتعارف و بیش‌ترین آن از نظر محیط زیستی و حساسیت تنوع زیستی آن، باعث در معرض بودن و آسیب‌پذیری بیش‌تر گونه‌ها نسبت به تغییرات شدید حاصل از تغییر اقلیم شده است (۳۴). لاک‌پشت‌های دریایی چه در زیستگاه‌های خشکی و چه در زیستگاه‌های دریایی خود به‌عنوان گونه‌های آسیب‌پذیر نسبت به تغییر اقلیم شناخته می‌شوند که در اثرات آن منجر به تغییر در پراکنش و نیز زمان برخی رفتارها در چرخه زمانی این گونه‌ها می‌شود (۳۵). بنابراین با توجه به اثرات متعدد و شدید تغییر اقلیم

است (۲۵). در مطالعه انجام شده در کشور کویت با نمونه‌برداری از تعداد ۹۷ لاک‌پشت تعداد ۶ هاپلوتایپ شناسایی شده‌اند که ۵ هاپلوتایپ به‌عنوان ثبت جدید بوده‌اند (۲۴). مقایسه شاخص‌های به‌دست آمده برای برآورد تنوع ژنتیکی با نتایج حاصل از مطالعات مذکور از سایر نقاط جهان نشان‌دهنده میزان بالای تنوع هاپلوتایپی و تنوع پایین نوکلئوتیدی است. این ویژگی می‌تواند از اشتراک‌گذاری یا مشارکت هاپلوتایپ‌های بخش غرب خلیج فارس و دریای عمان یا اقیانوس هند یا شکل‌گیری یا وجود هاپلوتایپ‌های جدید به‌دست آمده در مطالعه و بررسی انجام‌گرفته باشد (جدول ۴).

جدول ۴: مقایسه شاخص‌های تنوع ژنتیکی لاک‌پشت‌های سبز ایران با سایر نقاط جهان

محل / مکان	تنوع هاپلوتایپی (h)	تنوع نوکلئوتیدی (π)	منبع
۱ عمان	۰/۷۰۶	۰/۰۲۱۵	۲۵
۲ سواحل شرقی استرالیا	۰/۸۷۶۲	۰/۰۲۵۳	۲۶
۳ شمال استرالیا و جنوب شرق اندونزی	۰/۷۴۹	۰/۰۱۳	۱۹
۴ ژاپن	۰/۸۷۸	۰/۰۳۴۷	۲۷
۵ برونئی	۰/۸۴۴۴	۰/۰۰۹۳۵	۲۸
۶ جنوب غرب اقیانوس هند، موزامبیک، ماداگاسکار	۰/۵۰۶۳	۰/۰۲۸۹	۲۹
۷ فلوریدا	۰/۵۶	۰/۰۰۱۳	۳۰
۸ یونان	۰/۲۲	۰/۰۰۰۴۲	۳۰
۹ خلیج فارس و دریای عمان (ایران)	۰/۸۹۷۷	۰/۰۱۴۷۹	مطالعه حاضر

در بررسی بین اشتراکات هاپلوتایپی با سایر نقاط جهان، دو هاپلوتایپ 1.KP027611 از کشور عربستان با ۷ لاک‌پشت از ایران شامل ۳ فرد از بوشهر، یک فرد از قشم، یک فرد از لارک، یک فرد از هندورابی و یک فرد از هنگام اشتراک داشتند که نشان دهنده این است که لاک‌پشت‌های متولد شده در این کشور برای استفاده از مناطق تغذیه‌ای در شمال خلیج فارس به این مناطق مهاجرت می‌کنند. یک فرد از لاوان هاپلوتایپ مشابه با آن چه در استرالیا و جنوب شرق آسیا ثبت شده (۱۶، ۱۷) و یک فرد نیز از قشم هاپلوتایپ مشابه با آن چه در استرالیا و اندونزی ثبت شده داشتند (۱۷) که نشان‌دهنده ارتباط جمعیتی بین لاک‌پشت‌های این دو منطقه جغرافیایی و امکان مهاجرت لاک‌پشت‌ها بین دو منطقه برای استفاده از زیستگاه‌های تغذیه‌ای است. فاصله بین این مناطق که حدود ده هزار کیلومتر، صحت یافته بررسی‌های Bowen و Karl، مبنی بر مهاجرت بین اقیانوسی را در گونه لاک‌پشت سبز را تأیید می‌کند (۳۱). در این بین شناسایی

3. **Eckert, K.L., Bjørndal, K.A., Abreu-Grobois, F.A. and Donnelly, M., 1990.** Research and management Techniques for the conservation of sea turtles. IUCN/ SSC Marine Turtle Specialist Group publication. 4.
4. **Aghanajafi, Sh. and Hosseini, A., 2018.** Modeling nest-site habitat of Green Turtle (*Chelonia mydas*) with use of AHP and GIS in Chabahar coastline, south of Iran. Journal of Animal Environment. 10(4): 211-218. (In Persian)
5. **Malekian, M., 2012.** Molecular Ecology, University of Mashhad University. 304 p. (In Persian)
6. **Jensen, M.P., FitzSimmons, N.N. and Dutton, P., 2013.** Molecular Genetics of Sea Turtles. In: Wyneken, J., Lohmann, J.K. and Musick, A.J., (Eds). Biology of Sea Turtles. CRC Press. 3.
7. **Tabib, M., Tahmasebi, S., Vazerizadeh, A., Mohammadi, M., Hadi Ramaki, A., 2011.** Biometrical of Hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*) in the Kish Island, the Persian Gulf. Journal of Animal Environment. 3(3): 19-26. (In Persian)
8. **Kapli, P., Botoni, D., Ilgaz, C., Kumlutas, Y., Avci, A., Rastegar-Pouyani, N. and Poulakakis, N., 2013.** Molecular phylogeny and historical biogeography of the Anatolian lizard *Apathya* (Squamata, Lacertidae). Mol. Phylogenetic Evol. 66: 992-1001.
9. **Abreu-Grobois, F.A., Horrocks, J.A., Formia, A., Dutton, P., LeRoux, R. and Vélez-ZuazoMeylan, P., 2006.** New mtDNA d-loop primers which work for a variety of marine turtle species may increase the resolution capacity of mixed stock analyses. In: Panagopoulou, F.M., Rees, A.F. and Williams, K., (Eds.), Proceedings of the twenty-sixth annual symposium on marine turtle biology and conservation. International Marine Turtle Society, Crete, Greece. 179 p.
10. **Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. and Kumar, S., 2011.** Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood. Evolutionary Distance and Maximum Parsimony Methods. Mol Biol Evol. 28(10): 2731-2739.
11. **Librado, P. and Rozas, J., 2009.** Dna SP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics. 25(11): 1451-1452.
12. **Ronquist, F., Teslenko, M., van der Mark, P., Ayres, D.L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M.A. and Huelsenbeck, J.P., 2012.** MrBayes 3.2: efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. Journal of Systematic Biology. 61: 539-542.
13. **Tajima, F., 1989.** Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics. 123(3): 585-595.
14. **Rozas, J. and Rozas, R., 1997.** DnaSp version 6.3: a novel software package for extensive molecular population genetic analysis. Computer Application Bioscience. 13: 964-996.
15. **Joseph, J., Nishizawa, H., Wahidah, M., Arshaad, M.W., Syed, S.K., Saifullah, A. and Katoh, M., 2016.** Genetic stock compositions and natal origin of green turtle (*Chelonia mydas*) foraging at Brunei Bay. Global Ecology and Conservation. 6(16): 16.
16. **Jensen, M.P. and FitzSimmons, N.N., 2014.** Stock composition of green turtle (*Chelonia mydas*) feeding grounds of the Great Barrier Reef: implications of variation across latitude and size classes. Unpublished.
17. **Jensen, M.P., Miller, J. and FitzSimmons, N.N., 2014.** Genetic structure of green sea turtles, *Chelonia mydas*, in Saudi Arabia. Unpublished.

بر روی گونه‌ها ملاحظات مرتبط با این عامل در طرح‌های حفاظتی گونه‌های مدنظر قرار گیرد (۳۶). Wabnits و همکاران، در مقاله‌ای که تحت عنوان تأثیرات تغییر اقلیم بر روی تنوع زیستی خلیج فارس منتشر کرده‌اند، براساس مدل‌های پیش‌بینی مورد بررسی چنین پیش‌بینی کرده‌اند که این مناطق میزان بالایی از انقراض را تجربه خواهند کرد. براساس مدل‌سازی‌های انجام‌یافته آن‌ها دریافتند که لاک‌پشت‌های سبز و منقار عقابی زیستگاه‌های مناسب خود را از دست خواهد داد (۳۴). از طرف دیگر، بدون ملاحظه شرایط خاص محیطی و تأثیرات توسعه، لاک‌پشت‌های دریایی در شمال خلیج فارس و دریای عمان مواجهه با مرگ و میر مستقیم ناشی از فعالیت‌های صیادی در این فعالیت‌ها هستند که عمدتاً در سنین جوانی و مناطق تغذیه‌ای بیش‌تر قابل مشاهده است (۳۷). عوامل دیگری نظیر برخورد با قایق‌ها و پروانه آن‌ها، ساخت‌وساز و توسعه مناطق ساحلی و تخریب زیستگاه‌های لانه‌سازی و تغذیه‌ای، ورود آلاینده‌ها به زیستگاه‌های دریایی و در نهایت اثرات تجمعی این عوامل جمعیت‌های زادآور و تغذیه‌کننده لاک‌پشت‌های دریایی را در خلیج فارس و دریای عمان را دچار چالشی سخت کرده که نتیجه آن جز کاهش جمعیت این گونه‌های در معرض تهدید و نخواهد بود. همکاری مشترک و نزدیک علمی کشورهای حوزه پراکنش گونه لاک‌پشت سبز در منطقه خلیج فارس و دریای عمان برای مطالعه و بررسی دقیق‌تر و جزئی‌تر جمعیت‌های گونه لاک‌پشت سبز و تهیه برنامه مدیریت و حفاظتی براساس وضعیت موجود، انجام مطالعات ژنتیکی یکپارچه و مشارکتی برای شناسایی دقیق جمعیت‌ها و مسیرهای مهاجرتی و نیز جمعیت‌های مشترک بین کشورها به‌خصوص در منطقه و مناطق مهم تغذیه‌ای لاک‌پشت‌های سبز در منطقه و ارتباط بین جمعیت‌های موجود آن‌ها در منطقه و خارج از منطقه، ادامه برنامه‌های پلاک‌گذاری لاک‌پشت‌های تغذیه‌کننده در سواحل شمالی خلیج فارس و دریای عمان و پیشنهاد انجام آن به‌عنوان یک فعالیت حفاظتی-تحقیقاتی مشترک در منطقه، تهیه، تدوین و اجرای برنامه‌های مطالعه و شناسایی زیستگاه‌های تغذیه‌ای مهم در منطقه و تدوین و پیشنهاد برنامه‌های حفاظت از این زیستگاه‌ها به‌عنوان بخشی از زیستگاه‌های مهم گونه لاک‌پشت سبز از جمله موارد پیشنهادی برای حفاظت و مدیریت این گونه در منطقه می‌باشند.

## منابع

1. **Spotila, J.R., 2004.** Sea Turtles: A Complete Guide to Their Biology, Behavior and Conservation. The Johns Hopkins University Press and Oakwood Arts, Baltimore, Maryland. 57-69.
2. **Mobaraki, A., 1999.** Sea turtles. Journal of Environment. Environmental Protection Organization. (In Persian)

33. Sheppard, C., Al-Husiani, M., Al-Jamali, F., Al-Yamani, F., Baldwin, R., Bishop, J. and Zainal, K., 2010. The Gulf: a young sea in decline. *Mar Pollut Bull.* 60: 13-38.
34. Wabnitz, C.C.C., Lam, V.W.Y., Reygondeau, G., Al-Abdulrazzak, D., Khalfallah, M., Daniel, P.D. and Zeller, D., 2018. Climate change impacts on marine biodiversity, fisheries and society in the Arabian Gulf. *PLoS ONE.* 13(5): e0194537. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0194537>.
35. Patel, H.S., Morreale, J.S., Vincent, S., Saba, S.V., Panagopoulos, A., Margaritoulis, D. and Spotila, R.J., 2016. Climate Impacts on Sea Turtle Breeding Phenology in Greece and Associated Foraging Habitats in the Wider Mediterranean Region. *PLoS ONE.* 11(6).
36. Witt, J.M., Hawkes, A.L., Godfrey, H.M., Godley, J.B. and Broderick, C.A., 2010. predicting the impacts of climate change on a globally distributed species: the case of the loggerhead turtle. *The Journal of Experimental Biology.* 213: 901-911.
37. Mobaraki, A., 2006. Sea Turtle Study and situation in Iran. Marine Conservation Forum. WWF, EWS, Abu Dhabi, UAE.
18. Mahardika, G.N.K., Dewi, I.A.C., Nursanty, K.D., Kote, Y., Cahyani, N.K.D., Kendran, A.S. and Velez-Zuazo, X., 2014. Mapping of the Genetic Stocks of Green and Hawksbill Turtle in Indonesia. Unpublished.
19. Dethmers, K., Jensen, P.M., Fitzsimmons, N.N., Broderick, D., Limpus, C.C. and Moritz, C., 2010. Migration of green turtles (*Chelonia mydas*) from Australasian feeding grounds inferred from genetic analysis. *Marine and freshwater Research.* 61: 1376-1387.
20. Mostafavi, H., Kiabi, B., Liaghati, H., Abdoli, A., Mehrabian, A., Khoshab, K., Najmizadeh, S., Ahmadzadeh, F. and Samimi, K., 2010. Kharko Wildlife Sanctuary Management Plan. Environmental Protection Organization. Shahid Beheshti University. 163 p
21. Mobaraki, A., 2004. Green sea turtle nesting on the Gulf of Oman Coastline of the I.R. Iran. No 104, Marine turtle newsletter.
22. Mobaraki, A., Ghasemi, M. and Kami, H.G., 2019. First record of green sea turtle nesting at Sheedvar Island, Persian Gulf, Iran. *Indian Ocean Turtle Newsl.* 30: 5-7.
23. Miller, D.J., 1989. Marine turtles, an assessment of the conservation status of Marine turtles in Saudi Arabia. MEPA, Report. 9: 209.
24. Al-Mohanna, S.A., Al-Zaidan, S.Y. and Preeti, G.P., 2013. Green turtles (*Chelonia mydas*) of the north-western Arabian Gulf, Kuwait; the need for conservation. *Aquatic conservation: Marine and Fresh water.* Wiley online.
25. Reece, S.J., Alansari, A., Kalkvik, H.M., Alkindi, A., Mahmoud, I., Al Kiyumi, A.Y., Elshafie, A.E., Jensen, P.M. and Parkinson, C.L., 2016. A survey of the genetic diversity of the Loggerhead and Green Sea Turtles of the Sultanate of Oman. *Bulletin of the Florida Museum of Natural History.* 54(6): 104-117.
26. Jensen, P.M., Bell, I., Limpus, J.C., Hamann, M., Ambar, S., Whap, T. and FitzSimmons, N.N., 2016. Spatial and temporal genetic variation among size classes of green turtles (*Chelonia mydas*) provides information on oceanic dispersal and population dynamics. *Marine Ecology Progress Series.* 543: 241-256
27. Nishizawa, H., Narazaki, T., Fukuoka, T., Sato, K., Hamabata, T., Kinoshita, M. and Arai, N., 2014. Juvenile green turtles on the northern edge of their range: mtDNA evidence of long-distance westward dispersals in the northern Pacific Ocean. *Endangered Species Research.* 24: 171-179.
28. Joseph, J. and Nishizawa, H., 2016. Mitochondrial DNA of green turtles in Southeast Asia. Unpublished.
29. Bourjea, J., Lapègue, S., Gagnevin, L., Broderick, D., Mortimer, J.A., Ciccione, S., Roos, D., Taquet, C. and Grizel, H., 2007. Phylogeography of the green turtle, *Chelonia mydas*, in the Southwest Indian Ocean. *Molecular Ecology.* 16(1): 26.
30. Encalada, S.E., Lahanas, P.N., Bjørndal, K.A., Bolten, A.B., Miamoto, M.M. and Bowen, B.W., 1996. Phylogeography and population structure of the Atlantic and Mediterranean green turtle *Chelonia mydas*: a mitochondrial DNA control region sequence assessment. *Molecular Ecology.* 5: 473-483.
31. Bowen, B.W. and Karl, A.S., 2007. population genetics and phylogeography of sea turtles. *Molecular Ecology.* 16: 4886-4907.
32. Spadling, D., Fox, E.M.H., Allen, R.G., Davodson, N., Ferdana, A.Z., Finlayson, M. and Robertson, J., 2007. Marine Eco regions of the world, A Bioregionalization of Coastal and Shelf Areas. *Bioscience.* 57(7): 573-583.