

مقاله علمی - پژوهشی:

تبارزایی مولکولی خانواده شینگ ماهیان (Actinopteri: Acanthuriformes: Ehippidae)

مهدی قنبری فردی^{۱*}، عدنان شهدادی^۲

*mehdi.ghanbarifardi@science.usb.ac.ir

۱- گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه سیستان و بلوچستان، زاهدان

۲- گروه زیست شناسی دریا، دانشکده علوم و فنون دریایی، دانشگاه هرمزگان، بندرعباس

تاریخ پذیرش: آذر ۱۴۰۰

تاریخ دریافت: مرداد ۱۴۰۰

چکیده

خانواده Ehippidae از ۸ جنس و ۱۵ گونه تشکیل شده است که جنس *Platax* با پنج گونه دارای بیشترین تنوع بوده و در منطقه هند-آرام گسترش دارد. روابط تبارشناختی بین گونه‌ها و جنس‌های این خانواده هنوز روشن نشده است. ۴۸ توالی مربوط به ۸ گونه از چهار جنس خفاش ماهی از طریق بانک ژنی در دسترس هستند که برای رسم درخت تبارزایی مولکولی خانواده Ehippidae در مطالعه حاضر استفاده شده‌اند. بر اساس نتایج مطالعه حاضر و بررسی‌های استخوان شناسی، *Chaetodipterus* در دورترین فاصله نسبت به سایر جنس‌های این خانواده قرار گرفت. سه جنس دیگر مورد مطالعه شامل *Platax*، *Ehippus* و *Tripterodon* در کنار یکدیگر تشکیل یک کلاد حمایت شده می‌دهند. جنس *Platax* با توجه به موقعیت فیلوژنتیک جنس‌های *Ehippus* و *Tripterodon* در بین گونه‌های *Platax* احتمالاً یک جنس پارافیلتیک می‌باشد. سه گونه *P. orbicularis*، *P. teira* و *P. boersii* در یک خوشه و دو گونه دیگر شامل *P. batavianus* و *P. pinnatus* در خوشه دیگری قرار گرفتند. تبارزایی مولکولی گونه‌های جنس *Platax* تاحدی منطبق بر ویژگی‌های دندان‌ی و استخوان‌بندی باله‌ای اعضای این جنس می‌باشد.

کلمات کلیدی: Ehippidae، تبارزایی مولکولی، ویژگی‌ها، استخوان شناسی

مقدمه

خانواده Ehippidae از ۸ جنس و ۱۵ گونه تشکیل شده است (Fricke *et al.*, 2021) و در منطقه هند-آرام گسترش دارد (Heemstra, 2001). ۸ جنس شینگ ماهیان شامل *Chaetodipterus* (۳ گونه)، *Ehippus* (۲ گونه)، *Parapsettus* (۱ گونه)، *Platax* (۵ گونه)، *Proteracanthus* (۱ گونه)، *Rhinoprenes* (۱ گونه)، *Tripteron* (۱ گونه) (Nelson *et al.*, 2016) می‌باشد که جنس *Platax* با پنج گونه دارای بیشترین تنوع است. در تمام افراد نابالغ جنس *Platax*، باله‌های پشتی و مخرجی به میزان زیادی طولانی و عمیق هستند و شبیه به بال‌های پرندگان می‌باشند، اما با رشد ماهی نسبت به باله‌ها کاهش یافته و شبیه به خفاش می‌شوند که ویژگی اصلی اعضای خانواده Ehippidae می‌باشد (Kuitert and Debelius, 2001).

P. orbicularis از آبهای شمال خلیج فارس از جمله شهرستان بوشهر (Paighambari and Daliri, 2012; Pouladi *et al.*, 2020)، جزیره لارک در نزدیکی جزیره قشم (Assady *et al.*, 2004) و بندر لنگه (Azhdari *et al.*, 2010) و شهرستان جاسک از سواحل دریای عمان (Hashemi *et al.*, 2013) گزارش شده است. *Ehippus orbis* از آبهای بین جزیره خارک و شهر بوشهر نیز گزارش شده است (Blegvad and Løppenthin, 1944). *Ehippus orbis*، *Platax teira* و *P. orbicularis* همگی اعضای خانواده Ehippidae هستند که از بخش‌های جنوبی خلیج فارس (Carpenter *et al.*, 1997) و دریای عمان (Al-Masroori *et al.*, 1995; Randall, 2004) گزارش شده‌اند. چهار گونه از خانواده شینگ ماهیان از دریای عرب گزارش شده‌اند که شامل *Ehippus orbis*، *P. orbicularis*، *P. teira* و *Tripteron orbis* (Manilo and Bogorodsky, 2003). *P. orbicularis*، *P. teira boersii* و *Tripteron orbis* از دریای سرخ (Bogorodsky *et al.*, 2014; Golani and Fricke, 2018) می‌باشند.

در مطالعه‌ای که با استفاده از دو ژن میتوکندریایی 12S و 16S بر آرایه‌های Acanthuroidei انجام گرفت (Tang *et al.*,

1999). فقط دو جنس *Platax* و *Chaetodipterus* به عنوان نمایندگان خانواده Ehippidae در درخت تبارزایی مورد استفاده قرار گرفتند. بنابراین، بررسی دقیق روابط تبارزایی جنس‌های متعلق به این خانواده صورت نگرفته است. در یک بررسی جدیدتر روابط تبارزایی Acanthuroidei با استفاده از پنج ژن هسته‌ای مورد مطالعه قرار گرفته است و دو جنس *Platax* و *Chaetodipterus* نمایندگان خانواده Ehippidae می‌باشند که در کنار یکدیگر و به عنوان تاکسون خاوه‌ری خانواده Drepaidae معرفی شده‌اند (Holcroft and Wiley, 2008). تا حدی می‌توان گفت که تاکنون مطالعه جامع مولکولی بر نمایندگان خانواده Ehippidae صورت نگرفته و روابط تبارزایی بین جنس‌ها و گونه‌های این خانواده به صورت محدود در مطالعات کلی مورد اشاره قرار گرفته است. اگرچه گزارش‌های متعددی از این گونه در ایران و کشورهای همجوار وجود دارد، اما روابط تبارزایی مولکولی گونه‌های خانواده Ehippidae بررسی نشده‌اند. هدف این مطالعه بررسی روابط تبارزایی مولکولی اعضای خانواده Ehippidae بر اساس داده‌های موجود در بانک ژن می‌باشد.

مواد و روش‌ها

۴۸ توالی مربوط به ۸ گونه (۴ جنس، *Chaetodipterus*، *Ehippus*، *Platax*، *Tripteron*) خفاش ماهی از طریق بانک ژنی در دسترس هستند (جدول ۱) و برای رسم درخت تبارزایی شینگ ماهیان استفاده شده‌اند. *Drepane punctata* با توجه به مطالعه مولکولی Acanthuroformes به عنوان برون گروه انتخاب شد (Holcroft and Wiley, 2008). درخت‌های تبارزایی با روش بیشینه درست‌نمایی (ML) (Felsenstein, 1981) و بیژین (BI) (Huelsenbeck *et al.*, 2001) رسم شدند. تحلیل ML با استفاده از RAxML v.8.1.24 (Stamatakis, 2014) با ۱۰۰۰ تکرار بوت استرپ و تحلیل BI با استفاده از MrBayes v.3.2.6 (Ronquist *et al.*, 2012) با ۱۰ میلیون نسل تکرار انجام گرفتند.

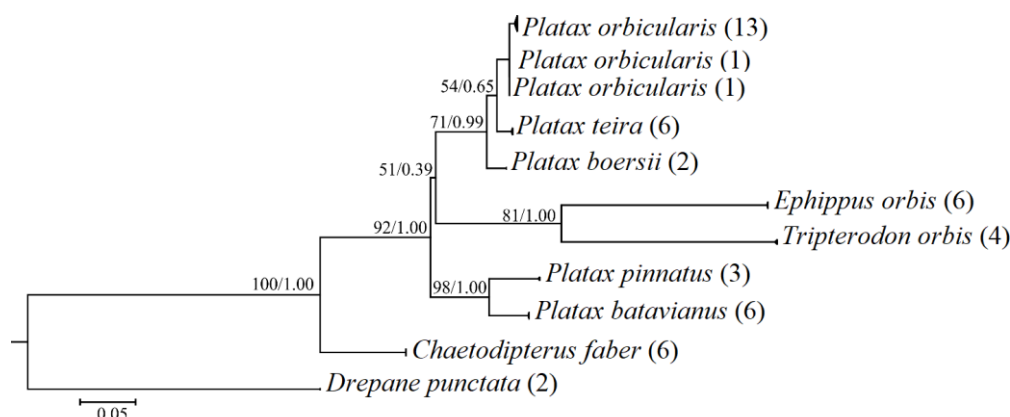
نتایج

یک جنس *Chaetodipterus* قرار گرفته است. سه گونه *P. boersii* و *P. teira orbicularis* در یک کلاد و دو گونه *P. pinnatus* و *P. batavianus* در کلادی دیگر قرار گرفته‌اند. با توجه به نتایج تحلیل تبارزایی، احتمالاً جنس *Platax* یک جنس پارافیلتیک باشد. چون نمایندگان جنس‌های *Ehippus* و *Tripterodon* در بین اعضاء جنس *Platax* قرار گرفته‌اند.

داده‌های جدول ۱ شامل ۶۵۰ جفت باز که از این تعداد ۱۸۸ جفت باز متغییر و ۱۸۴ جفت باز دارای اطلاعات پاسیمونی بودند. هر دو درخت بیشینه درست‌نمایی و بیشین از نظر توپولوژی شبیه یکدیگر هستند، البته در طول شاخه‌ها و میزان حمایت با یکدیگر تفاوت‌هایی دارند. درخت تبارزایی مطالعه حاضر شامل دو کلاد اصلی است (شکل ۱) که در کلاد بالا سه جنس *Platax*، *Ehippus*، *Tripterodon* و در کلاد پایین

جدول ۱: آرایه‌ها و شماره‌های بازبایی توالی‌های مورد استفاده در تحلیل تبارزایی مولکولی مطالعه حاضر

ردیف	گونه	GenBank acc. numbers, COI
۱	<i>Chaetodipterus faber</i>	JQ365288, JQ365285, JQ365284, JQ365283, JQ365281, JQ365280
۲	<i>Ehippus orbis</i>	HQ564455, HQ564426, HQ149837, HQ149836, HQ149835, HQ149834
۳	<i>Platax batavianus</i>	HQ956562, DQ107767, DQ107770, DQ107768, DQ107771, DQ107769
۴	<i>Platax boersii</i>	JN313144, HQ564408
۵	<i>Platax orbicularis</i>	GU674288, FJ58385, FJ583852 FJ583856, FJ583854, FJ583855, MF123985, KF009644, MF123986, MH331825, JN021240, NC 013136, AP006825, KF930266
۶	<i>Platax pinnatus</i>	KP194929, FJ583857, FJ583858
۷	<i>Platax teira</i>	HQ149898, HQ149897, KY371964, KY371965, KJ129008, KJ129007
۸	<i>Tripterodon orbis</i>	JF494749, JF494748, JF494746, JF494747
۹	<i>Drepane punctata</i>	JN242500, JN242499



شکل ۱: روابط تبارزایی خانواده شینگ ماهیان (Ehippidae) حاصل از روش بیشینه درست‌نمایی یک ژن میتوکندریایی (COI). اعداد روی شاخه‌ها به ترتیب نشان‌دهنده بوت استرپ حاصل از آنالیز بیشینه درست‌نمایی و احتمال پسین از تحلیل بیژن می‌باشد. اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده تعداد توالی‌های مورد استفاده برای هر گونه می‌باشد.

بحث

خواهري مي‌باشند. همچنين جنس *Platax* با توجه به جنس‌هاي *Ephippus* و *Tripterodon* يك جنس پارافيلتيك معرفي مي‌شود.

پنج گونه معتبر جنس *Platax* در تحليل تبارزايي مولكولي مطالعه حاضر مورد استفاده قرار گرفته‌اند (شكل ۱). در مطالعه مقايسه‌اي ريخت‌شناسي بين گونه‌هاي جنس *Platax*، چهار گونه *P. pinnatus* و *P. boersii*، *P. teira*، *P. orbicularis* از آبهاي ساحلي ژاپن گزارش شده و ويژگي‌هاي ريختي آنها با يكدیگر مقايسه شده است. همچنين *P. batavianus* از جزيره بورنيو با چهار گونه مذکور مورد مقايسه قرار گرفته است (Kishimoto et al., 1988). دندان‌هاي آرواره‌اي، تعداد خارها و شعاع‌هاي باله‌اي روي هر پرتوپايه (Pterygiophore) در مطالعه Kishimoto و همكاران (۱۹۸۸) مورد مقايسه قرار گرفته‌اند كه تفاوت‌ها و شباهت‌هاي بين پنج گونه تا حد زيادي منطبق بر نتايج درخت مولكولي بررسي حاضر است. در دو گونه *P. pinnatus* و *P. batavianus* برجستگي وسطی دندان‌هاي آرواره بسيار بزرگتر از برجستگي‌هاي كناري است، ولي در سه گونه *P. orbicularis*، *P. teira* و *P. boersii* سه برجستگي دندان آرواره‌اي از نظر اندازه با يكدیگر تفاوت كمتری دارند. البته دندان آرواره‌اي *P. teira* و *P. boersii* بسيار به يكدیگر شبیه است و نگارندگان مقاله حاضر يك شكل دندان را براي هر دو گونه در نظر گرفته و در تحليل تبارزايي مطالعه حاضر نیز سه گونه *P. orbicularis*، *P. teira* و *P. boersii* در يك كلاد گروه‌بندی شده‌اند. شباهت دندان *P. pinnatus* و *P. batavianus* منطبق بر ارتباط تبارزايي مولكولي مطالعه حاضر (شكل ۱) می‌باشد كه آنها را در يك كلاد قرار داده است (شكل ۱).

افراد گونه *P. pinnatus* اگرچه داراي تنوع‌هايی هستند، ولي هميشه اولين شعاع باله پشتی روي ششمین پرتوپايه و در *P. batavianus* اولين شعاع باله پشتی روي هفتمین پرتوپايه قرار گرفته است. سه گونه *P. orbicularis*، *P. teira* و *P. boersii* داراي حالت مشابهی می‌باشند و هميشه اولين شعاع باله پشتی روي پنجمین پرتوپايه قرار گرفته است (Kishimoto et al., 1988). حالت مشابه صفت استخوان‌بندی باله پشتی در سه

۵۹ صفت استخوان‌شناسي براي مقايسه خانواده‌ها و جنس‌هاي مربوط به Acanthuroidei مورد استفاده قرار گرفت. نتايج مربوط به جنس‌هاي خانواده Ephippidae نشان داد كه *Chaetodipterus* در دورترين فاصله نسبت به ساير جنس‌هاي اين خانواده قرار می‌گيرد (Cavalluzzi, 2000) و اين مورد از درخت تبارزايي مولكولي مطالعه حاضر نیز نتیجه‌گیری می‌شود (شكل ۱). به علاوه، مطالعه استخوان‌شناسي (Cavalluzzi, 2000)، جنس‌هاي *Platax* و *Zabidius* را به عنوان آرايه‌هاي خواهري شناسايي کرده است و *Ephippus* و *Tripterodon* را در کنار آنها قرار می‌دهد. در مطالعه دیگری كه با استفاده از دو ژن ميتوكوندريايي 12S و 16S بر آرايه‌هاي Acanthuroidei انجام گرفت (Tang et al., 1999). فقط دو جنس *Platax* و *Chaetodipterus* به عنوان نمايندگان خانواده Ephippidae در درخت تبارزايي مورد استفاده قرار گرفتند. بنا بر اين، امکان بررسي دقيق روابط تبارزايي جنس‌هاي متعلق به اين خانواده وجود ندارد.

تاحدی می‌توان گفت كه تاكنون مطالعه جامع مولكولي بر نمايندگان خانواده Ephippidae صورت نگرفته و روابط تبارزايي بين جنس‌ها و گونه‌هاي اين خانواده به صورت محدود در مطالعات كلي مورد اشاره قرار گرفته است. روابط تبارزايي Acanthuroidei با استفاده از پنج ژن هسته‌اي مورد مطالعه قرار گرفته است و نمايندگان خانواده Ephippidae دو جنس *Platax* و *Chaetodipterus* می‌باشند كه در کنار يكدیگر و به عنوان تاكسون خواهري خانواده Drepaidae معرفي شده‌اند (Holcroft and Wiley, 2008).

در مطالعه حاضر توالی‌هاي نشانگر COI مربوط به ۴ جنس (۸ گونه) خانواده Ephippidae براي اولين بار جهت بررسي روابط تبارزايي خانواده مذکور مورد بررسي قرار گرفت. توالی‌هاي مورد استفاده در مطالعه حاضر از مطالعات DNA barcoding حاصل شده‌اند (Valdez-Moreno et al., 2010; Ribeiro et al., 2012; Baniya et al., 2016; Steinke et al., 2016; Habib et al., 2017; Hou et al., 2018; Aguilar et al., 2020). نتايج تحليل مطالعه حاضر (شكل ۱) نشان می‌دهد كه *P. orbicularis* و *Platax teira* گونه‌هاي

- and Lakra, W.S., 2016. DNA barcoding of marine ornamental fishes from India. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(5): 3093-3097.
- Blegvad, H. and Løppenthin, B., 1944. Fishes of the Iranian Gulf. Danish Scientific Investigations in Iran, Einar Munksgaard Copenhagen, 247 p.
- Bogorodsky, S.V., Alpermann, T.J., Mal, A.O., and Gabr, M.H., 2014. Survey of demersal fishes from southern Saudi Arabia, with five new records for the Red Sea. *Zootaxa*, 3852(4): 401-437.
- Carpenter, K., Krupp, F., Jones, and D., Zajonz, U., 1997. FAO species identification field guide for fishery purposes. The living marine resources of Kuwait, Eastern Saudi Arabia, Bahrain, Qatar, and the United Arab Emirates. FAO species identification field guide for fishery purposes. The living marine resources of Kuwait, Eastern Saudi Arabia, Bahrain, Qatar, and the United Arab Emirates. *FAO, Rome*.
- Cavalluzzi, M.R., 2000. Osteology, phylogeny, and biogeography of the marine fish family Ehippidae (Perciformes, Acanthuroidei), with comments on sister group relationships. The College of William and Mary.
- Felsenstein, J., 1981. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. *Journal of Molecular Evolution*, 17(6): 368-376.
- Fricke, R., Eschmeyer, W.N. and Fong, J.D., 2021. Eschmeyer's catalog of fishes: genera/species by family/subfamily. (<http://researcharchive.calacademy.org/research>)
- گونه *P. boersii* و *P. teira*، *P. orbicularis* دقیقاً در راستای موافقت با خوشه‌بندی این سه گونه در شکل ۱ می‌باشد. تعیین توالی نمایندگی از تمام جنس‌های خانواده Ehippidae تصویر بهتر و جامع‌تری از روابط تبارزایی این خانواده را مشخص خواهد کرد.

منابع

- Aguilar, R., Ogburn, M.B., Weigt, L.A., Driskell, A.C., Macdonald, K.S. and Hines, A.H., 2020. Chesapeake Bay Barcode Initiative (CBBI): Fishes of the greater Chesapeake Bay. Submitted (MAY-2020) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases (<https://www.uniprot.org/citations/6651190125915483841>).
- Al-Masroori, H., Al-Oufi, H., McIlwain, J.L. and McLean, E., 2004. Catches of lost fish traps (ghost fishing) from fishing grounds near Muscat, Sultanate of Oman. *Fisheries Research*, 69(3): 407-414.
- Assady, H., Behzadi, S., Abdilmehdi, I., Saeidmorady, S., Mirzai, A. and Dehghani, R., 2004. A study on status of exploring stocks of Ornamental Fishes Iranian Fisheries Science Research Institut, Persian Gulf and Oman Sea Ecological Research Center.
- Azhdari, H., Taghavi, A., Mortazavi, M.S., Azhdari, Z.H., Kamali, I., Ghasemi, Sh., Maghsodi, A.M., Valinasab, T., Tokhmafsan, M., Gharra, K. and Mazlomi M., 2010. The effectiveness of artificial reefs for rehabilitation and production of fisheries in Iran, Iranian Fisheries Research Organization.
- Bamaniya, D.C., Pavan-Kumar, A., Gireesh-Babu, P., Sharma, N., Reang, D., Krishna, G.

- Golani, D., and Fricke, R. 2018.** Checklist of the Red Sea fishes with delineation of the Gulf of Suez, Gulf of Aqaba, endemism and Lessepsian migrants. *Zootaxa*, 4509(1): 1-215.
- Habib, K.A., Kim, C.G., Oh, J., Neogi, A.K. and Lee, Y.H., 2017.** Aquatic Biodiversity of Sundarbans, Bangladesh. Korea Institute of Ocean Science and Technology (KIOST).
- Hashemi, S.H., Salarpouri, A. and Koosej, N., 2013.** A survey on fish fauna of Hormozgan Province mangrove protected areas in IUCN category from Persian Gulf and Oman Sea, National Conference of Persian Gulf Environmental Research.
- Heemstra, P.C., 2001.** Ephippidae-Spadefishes (Batfishes). In: Carpenter K. E., Niem V. (Eds.), FAO species identification guide for fishery purposes. The living marine resources of the Western Central Pacific, Vol. 6. *FAO, Rome*, 3611-3622.
- Holcroft, N.I., and Wiley, E.O., 2008.** Acanthuroid relationships revisited: a new nuclear gene-based analysis that incorporates tetraodontiform representatives. *Ichthyological Research*, 55(3): 274-283.
- Hou, G., Chen, W.T., Lu, H.S., Cheng, F. and Xie, S.G., 2018.** Developing a DNA barcode library for perciform fishes in the South China Sea: species identification, accuracy and cryptic diversity. *Molecular ecology resources*, 18(1): 137-146.
- Huelsenbeck, J.P., Ronquist, F., Nielsen, R. and Bollback, J.P., 2001.** Bayesian inference of h/ichthyology/catalog/SpeciesByFamily.asp). Electronic version Updated 3 August 2021.
- phylogeny and its impact on evolutionary biology, *Science*, 294(5550), PP: 2310-2314.
- Kishimoto, H., Hayashi, M., Kohno, H. and Moriyama, O., 1988.** Revision of Japanese batfishes, genus *Platax*. Science Report of the Yokosuka City Museum 36: 19-38 [In Japanese, English summary].
- Kuiter, R.H. and Debelius, H., 2001.** Surgeonfishes, rabbitfishes and their relatives: a comprehensive guide to Acanthuroidei. TMC publishing, Chorleywood.
- Manilo, L.G., and Bogorodsky, S.V., 2003.** Taxonomic composition, diversity and distribution of coastal fishes of the Arabian Sea. *Journal of Ichthyology*, 43(1): S75.
- Nelson, J.S., Grande, T.C., and Wilson, M.V., 2016.** Fishes of the World. *John Wiley and Sons*, 707 p.
- Paighambari S.Y. and Daliri, M., 2012.** The by-catch composition of shrimp trawl fisheries in Bushehr coastal waters, the northern Persian Gulf. *Journal of the Persian Gulf*, 3(7): 27-36.
- Pouladi, M., Paighambari, S.Y., Millar, R.B. and Babanezhad, M., 2020.** Length-weight relationships and condition factor of five marine fish species from Bushehr Province, Persian Gulf, Iran. *Thalassas: An International Journal of Marine Sciences*, 36(2): 457-461.
- Randall, J.E., 1995.** Coastal fishes of Oman. University of Hawaii Press.
- Ribeiro, A.D.O., Caires, R.A., Mariguela, T.C., Pereira, L.H.G., Hanner, R. and Oliveira, C., 2012.** DNA barcodes identify marine fishes of

São Paulo State, Brazil. *Molecular Ecology Resources*, 12(6): 1012-1020.

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. *Systematic Biology*, 61(3): 539-542.

Stamatakis, A., 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30(9): 1312-1313.

Steinke, D., Connell, A.D. and Hebert, P.D., 2016. Linking adults and immatures of South African marine fishes. *Genome*, 59(11): 959-967.

Tang, K.L., Berendzen, P.B., Wiley, E.O., Morrissey, J.F., Winterbottom, R., and Johnson, G.D., 1999. The phylogenetic relationships of the suborder Acanthuroidei (Teleostei: Perciformes) based on molecular and morphological evidence. *Molecular phylogenetics and evolution*, 11(3): 415-425.

Valdez-Moreno, M., Vásquez-Yeomans, L., Elías-Gutiérrez, M., Ivanova, N.V. and Hebert, P.D., 2010. Using DNA barcodes to connect adults and early life stages of marine fishes from the Yucatan Peninsula, Mexico: potential in fisheries management. *Marine and Freshwater Research*, 61(6): 655-671.

Molecular phylogeny of Ehippidae (Actinopteri: Acanthuriformes)

Ghanbarifardi M.^{1*}; Shahdadi A.²

*mehdi.ghanbarifardi@science.usb.ac.ir

1-Department of Biology, Faculty of sciences, University of Sistan and Baluchestan, Zahedan, Iran

2-Department of Marine Biology, Faculty of Marine Sciences and Technology, University of Hormozgan, Bandar Abbas, Iran

Abstract

The family Ehippidae consists of eight genera and 15 species. The genus *Platax* with five species distributed throughout Indo-Pacific, seemingly has more diversity than other genera of the family. Phylogenetic relationships among species and genera of the family, however, are not fully resolved. 48 sequences of eight species (four genera) of batfishes are available in the GenBank and have been used to construct the molecular phylogenetic tree of Ehippidae for the present study. Based on the present analysis, a species of *Chaetodipterus*, *C. faber* is located at the farthest distance from other studied genera of this family. This positioning, confirm the previous morphological study based on osteology. Three other examined genera *Ehippus*, *Platax* and *Tripteron* are grouped together under a supported clade. The genus *Platax* is probably a paraphyletic taxon regarding to the positions of the genera *Tripteron* and *Ehippus* in the phylogenetic tree. Three species of *Platax*, *P. orbicularis*, *P. teira* and *P. boersii* are clustered together while two other species, *P. batavianus* and *P. pinnatus* are in another cluster. Molecular phylogeny of *Platax* species is somewhat consistent with the dental characteristics and fin ossification of the members of this genus.

Keywords: Ehippidae, Molecular phylogeny, Osteological features