

مقایسه الگوهای پراکنش جغرافیایی حاصل از نوسانات اقلیمی در فلات ایران با تأکید بر ایران مرکزی با استفاده از داده‌های مولکولی

حمید حدادیان شاد^{۱*}، جمشید درویش^{۱،۲} و اسکندر رستگار پویانی^۳

^۱ مشهد، دانشگاه فردوسی مشهد، دانشکده علوم، گروه زیست‌شناسی

^۲ مشهد، دانشگاه فردوسی مشهد، گروه پژوهشی جوئنده شناسی

^۳ سبزوار، دانشگاه حکیم سبزواری، گروه زیست‌شناسی

تاریخ دریافت: ۹۵/۴/۱۴ تاریخ پذیرش: ۹۵/۸/۱

چکیده

گونه‌ها تحت تأثیر نوسانات اقلیمی عصر یخبندان به مناطق پناهگاهی وارد شده و جدایی درازمدت آن‌ها از جمعیت‌های همجوار سبب واگرایی ژنتیکی آنها می‌شود که با مطالعات فیلوجغرافیایی قابل تشخیص است. الگوهای پراکنش جغرافیایی شش گونه پستاندار کوچک در مناطق مختلف ایران با استنباط از داده‌های حاصل از ژن سیتوکروم *b* و نشانگر D-loop مورد مقایسه قرار گرفته و سدهای ژنتیکی بین دودمان‌های مختلف هر آرایه و گریز راه‌های احتمالی بین آنها با استفاده از نرم‌افزار Barrier مورد بررسی قرار گرفته است. مقایسه نتایج به دست آمده در این شش گونه، نشان می‌دهد که الگوهای پراکنشی در این آرایه‌ها همخوانی چندانی را باهم نشان نمی‌دهند که این از ویژگی‌های یک منطقه پناهگاهی است. به نظر می‌رسد هر آرایه طبق برنامه‌ای متفاوت از سایر آرایه‌ها، به دوره‌های سرد کوتاه‌تر پاسخ داده است. در پایان، سدها و گریز راه‌های احتمالی در فلات ایران مورد بررسی قرار گرفته است.

واژه‌های کلیدی: پراکنش جغرافیایی، پستانداران، ایران مرکزی، پناهگاه، Barrier

* نویسنده مسئول، تلفن ۰۹۱۵۱۰۰۶۲۱۵، پست الکترونیکی: Hamid_shad20002001@yahoo.com

مقدمه

گسترش یافته ولی نوسانات اقلیمی عمده از حدود ۷۰۰ هزار سال قبل با دوره‌هایی ۱۰۰ هزارساله رخ داده است (۳۶). تغییرات اقلیمی کوتاه‌مدت نیز در اواخر پلیستوسن از ۱۳۰ هزار تا ۱۰ هزار سال قبل بارها به وقوع پیوسته‌اند (۳۳). این تغییرات اقلیمی باعث شده‌اند جمعیت‌ها به مناطقی موسوم به پناهگاه رفیوژیا پناه آورده و خود را از سرمای حاصل از عصر یخبندان برهانند. انقباض و انبساط جمعیتی حاصل از این نوسانات و جدا ماندگی آنها در پناهگاه‌های مختلف، باعث واگرایی ژنتیکی آنها می‌گردد (۳). این واگرایی با مطالعات ژنتیک مولکولی به سادگی قابل تشخیص خواهد بود (۱). تنوع بالای ژنتیکی در این

مقایسه توزیع جغرافیایی آرایه‌های امروزی می‌تواند منعکس‌کننده تأثیر پارامترهای تاریخی و اکولوژیکی آنها در گذشته باشد و وجود الگوهای فیلوجغرافیایی مشابه بین چند آرایه، ریشه در داشتن تاریخی مشترک در گذشته است (۳۴). عدم هم‌خوانی الگوها مبین این است که این آرایه‌ها، پیشینه تاریخی متفاوتی را تجربه کرده‌اند. شکاف عمیق ژنتیکی بین دو ناحیه در سطوح درون گونه و بین گونه‌ای نیز نشانه همین مساله است. تأثیر نوسانات اقلیمی بویژه در کوتاه‌تر که به دلیل چرخش محور زمین ایجاد شده (۲۳) اثر شگرفی بر جانداران نواحی معتدله داشته است. پوسته‌های یخی نیمکره شمالی در حدود ۲/۵ میلیون سال قبل

اهمیت بسیار بالایی است. علاوه بر این، سن و تاریخ تکاملی گونه و درک وقایع زمین‌شناختی و نوسانات اقلیمی منطقه در زمان نیز اهمیت دارد. به‌زعم میزون دو عامل رطوبت و دما مهم‌ترین عوامل تعیین‌کننده پراکنش در ایران هستند به این معنا که محدودیت‌های مربوط به پراکنش در ایران اول به دما و بعد به رطوبت وابسته‌اند (۲۹). در گونه‌های رطوبت دوست مانند موش کشتزار که در دره‌های رودخانه‌ای هستند، رطوبت مهم‌ترین فاکتور پراکنشی خواهد بود. انتشار این گونه‌ها احتمالاً در دوره‌های مرطوب همچون دوره‌های یخبندان به‌ویژه در کواترنر انجام شده‌اند. عامل بعدی ناهمواری‌ها هستند. برخی گونه‌ها کوهزی بوده (مانند زیبا موش و جرد ایرانی) و برخی دیگر ساکن دره‌ها (هامستر مهاجر) یا دشت‌ها (دو پاها، سایر جردها و جربیل‌ها) هستند. این گونه‌ها با عبور از گریزهای کوهی (برای گونه‌های کوهزی) و گریزهای کم-ارتفاع (برای نمونه‌های دشتی) دامنه پراکنشی خود را گسترش می‌دهند. جنس خاک عامل مهم بعدی در جوندگان به‌ویژه نمونه‌های حفار است. *Allactaga* دامنه خود را از طریق صحراهای رسی گسترش می‌دهد در حالی که *Jaculus* و *Meriones meridianus* صحراهای شنی را ترجیح می‌دهند و وجود مو در کف اندام‌های حرکتی این جوندگان بمنظور سازش با این نوع زیستگاه است (۲۹).

وجود مناطق پناهگاهی در رشته‌کوه‌های مرکزی ایران با محوریت شیرکوه نیاز به بررسی دارد و مطالعات چندانی در این ناحیه انجام نشده و مطالعات اولیه حاکی از آن است که شیرکوه یک ناحیه مستعد پناهگاهی برای برخی گونه‌ها است (۵). رشته‌کوه‌های ایران مرکزی به‌موازات زاگرس واقع شده و در جهت شمال غربی-جنوب شرقی از سه‌د در شمال غرب ایران شروع شده و تا جیرفت ادامه می‌یابد. آغاز رشته‌کوه‌های مرکزی از شرق دشت رزن است. در فاصله دشت رزن تا قم، رشته‌کوه‌های مرکزی از دو رشته‌کوه شرقی و غربی تشکیل شده که توسط دشت ساوه

نواحی به دلیل حفظ تنوع جمعیت اجدادی یکی از مشخصات پناهگاهی است. این مناطق عمدتاً کوه‌ها را شامل می‌گردند اما در نمونه‌های ساکن مناطق پست و کم-ارتفاع، این مناطق به‌عنوان مناطق پناهگاهی عمل می‌کنند (۲۵). نوسانات اقلیمی کواترنر ساختار ژنتیکی جانداران خشکی‌زی را در هولوآرکتیک (مجموع اوراسیا، امریکای شمالی و شمال آفریقا) شکل داده است (۲۵). دریاها و کوه‌ها به‌عنوان سدهای مهم، جمعیت‌ها را در پناهگاه‌ها محدود می‌کنند (۲۴، ۳۴). تأثیر تغییرات اقلیمی حاصل از نوسانات آب و هوایی پلیستوسن بر موجودات زنده در ایران بررسی چندانی نشده است (۲۶). شرایط اقلیمی در دوره‌های یخبندان و LGM در ۱۸ تا ۲۱ هزار سال قبل، سردتر و خشک‌تر از امروزه بوده است که به‌نوبه خود گسترش بیابان‌ها و استپ‌ها را در پی داشته است در عین حال منجر به کاهش وسعت مناطق گرم و مرطوب گردیده است (۹، ۸، ۲۶). این تغییرات آب و هوایی، پراکنش گونه‌ها را در مناطق کوچک و پناهگاهی مانند دنا در زاگرس و کپه‌داغ در شمال شرق ایران (۹) و شیرکوه در ایران مرکزی (۵) محدود کرده است در حالی که امروزه پراکنش جغرافیایی گونه‌ها به نواحی بزرگی عمدتاً در مناطق کوهی گسترش یافته است. وضعیت توپوگرافی فلات ایران پناهگاه‌های متعددی را رقم زده است که تنوع ژنتیکی حاصل از چندین دوره یخبندان روی هم انباشته شده و محدودیت‌های پراکنشی با جدا کردن آنها از نواحی همجوار، منجر به ایجاد دودمان‌های جدید در این پناهگاه‌ها شده است. رشته‌کوه‌های البرز در شمال ایران و زاگرس در غرب ایران دارای تنوع زیستی و گونه‌های اندمیکی است که وجود این مناطق پناهگاهی را نشان می‌دهد (۲۹). بررسی راه‌های نفوذ زیبا (فون) در یک منطقه مستلزم درک زیست‌شناختی صحیح آرایه‌های آن منطقه و سدهای جغرافیایی (کوه برای گونه‌های دشتی و دشت برای گونه‌های کوهزی) و فیزیولوژیکی مانند خشکی و یا آب (رطوبت، گرما و سرما) به‌عنوان موانع پراکنش دارای

زاگرس جدا می‌سازد. رشته‌کوه‌های مرکزی در جهت جنوب شرق کشور نیز امتداد یافته و رشته‌کوه‌هایی را می‌سازد که دو کویر جازموریان را در جنوب از دشت لوت در شمال جدا می‌سازد. این بیابان‌ها نیز سدی در برابر عبور زیبا بین ارتفاعات مرکزی و ارتفاعات شرقی کشور عمل می‌کنند. درک نحوه نفوذ و مسیرهای نفوذ زیبا به یک منطقه بدون توجه به ناهمواری‌ها و جغرافیای طبیعی نقاط همجوار آن میسر نیست (۲۴).

چندین مطالعه از گونه‌های مختلف در زمینه بررسی پناهگاه‌ها و ایزولا‌های جغرافیایی انجام گرفته است که برخی از آن‌ها آرایه‌هایی است که تشکیل آنها مربوط به بیش از سه میلیون قبل بوده است به‌عنوان مثال مطالعات مسی و همکاران نشان داده است ویکاریانس حاصل از شکل‌گیری بخش‌های مختلف فلات ایران به دلیل فعالیت‌های تکتونیک نقش مهمی در گونه‌زایی مارمولک‌های جنس *Laudakia* داشته است (۲۷). با بررسی دو گونه همجا از پروانه‌های جنس *Gnopharmia* به همراه گیاهان میزبان آنها یعنی *P. fenzliana* و *Prunus scoparia* حضور مناطق پناهگاهی در شمال-غرب ایران، کپه‌داغ و جنوب‌غرب زاگرس شناسایی شده است (۳۲). مطالعات دیگری در ایران در زمینه مسیر مهاجرت و کلونیزاسیون موش مقدونیه یا *Mus macedonicus* با استفاده از توالی دی‌لوپ انجام شده است (۶). مطالعات دیگری بر روی حشره‌خوار دندان سفید در ایران حاکی از حضور احتمالی یک ناحیه تماس ثانوی در ایران مرکزی است (۱۸).

هدف از این مطالعه مقایسه الگوهای پراکنش جغرافیایی چند نمونه پستاندار کوچک در ایران تحت تأثیر نوسانات اقلیمی کوتاه‌تر بوده و بررسی تأثیر این نوسانات بر میزان واگرایی آرایه‌ها در مناطق پناهگاهی است و این‌که آیا الگوی مشترکی از واگرایی در آرایه‌های مختلف مناطق پناهگاهی دیده می‌شود؟ هدف دیگر، بررسی سدهای

از هم جدا می‌شوند. امتداد شرقی این رشته‌کوه‌ها در قم توسط چاله‌حوض سلطان قطع شده و دنباله آن در دشت کویر بصورت رشته‌کوه‌های پراکنده ادامه می‌یابد. رشته‌کوه‌های غربی از طریق چاله اراک به قم رسیده و از آنجا در جهت شمال غربی-جنوب شرقی تا جنوب کرمان امتداد می‌یابد. این رشته‌کوه‌ها پیوسته بوده و فقط در دو محل قره‌چای و قمرود باعث ایجاد شکاف شده که عبور از طریق گردنه‌های آن امکان‌پذیر است. در این رشته‌کوه‌ها، ارتفاعات کرکس، شیرکوه و هزار دیده می‌شود. رشته‌کوه‌های مرکزی را می‌توان به دو رشته‌کوه متوالی تقسیم نمود که یکی در جهت شمال غربی از سهند تا جیرفت قرار گرفته و فاقد مخروط آتشفشانی است. این رشته‌کوه‌ها بدلیل برخورد دو صفحه قاره‌ای ایجاد شده‌اند و دیگری در جهت جنوب شرقی از جیرفت تا بزمان (زنده) در بلوچستان که دارای ارتفاعات به شکل رشته‌کوه‌های منفرد و یا پیوسته و دارای مخروط آتشفشانی است و دو چاله دشت کویر و جازموریان را از هم جدا می‌سازد. این رشته‌کوه‌ها از برخورد صفحه اقیانوسی و قاره‌ای ایجاد شده‌اند و حاصل فرورانش پوسته دریای عمان بدلیل چگالترا بودن به زیر مکران بوده است که بانفوذ آن به عمق ۱۰۰ کیلومتری ذوب شده و ماگما از شکاف‌ها و گسل‌ها بیرون می‌آید. مخروط‌های آتشفشانی کوه‌های این منطقه، حاصل همین واقعه فرورانشی است (۸).

شیرکوه به لحاظ بیوجغرافیایی یکی از مهمترین ارتفاعات ایران مرکزی است و از اطراف توسط بیابان‌های مختلفی احاطه می‌شود که نقش مهمی در ممانعت از پراکنش گونه‌هایی دارد که در آن بدام افتاده‌اند. این منطقه از شمال توسط کویر مرکزی، از رشته‌کوه‌های البرز جدا می‌شود. این کویر به‌عنوان یکی از خشک‌ترین و گرم‌ترین بیابانهای جهان، سدی مهم در برابر عبور زیبا می‌باشد. در بخش غربی شیرکوه، کویر ابرکوه واقع شده که درون دشت سنندج-سیرجان در امتداد شمال غربی-جنوب شرقی قرار گرفته و ارتفاعات ایران مرکزی را از ضلع شرقی

مدت ۲ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به‌عنوان دمای واسرشت شدگی که با ۳۰ دوره شامل ۱ دقیقه در دمای ۹۲ درجه، ۱ دقیقه در دمای ۵۸ درجه به‌عنوان دمای جفت‌شدگی و ۱ دقیقه در دمای ۷۲ درجه به‌عنوان دمای گسترش ادامه می‌یابد و در نهایت ۱۰ دقیقه در دمای ۷۲ درجه به‌عنوان آخرین مرحله گسترش استفاده می‌گردد (۳۱).

پس از دریافت توالی‌ها ابتدا آنها بایستی با نرم‌افزار Bioedit (۲۱) فراخوانی شده و بمنظور مقایسه توالی‌ها مرتب شوند. این عمل از طریق گزینه Accessory Application و ClustalW Multiple Alignment انجام می‌گیرد. با این عمل می‌توان به حذف یا اضافه بودن توالی‌ها و امکان مقایسه آنها دست‌یافت. سپس نوکلئوتیدهایی که باهم همخوانی ندارند می‌بایست بطور چشمی در توالی اصلی چک شوند. چنانچه ژن موردنظر مولد پروتئین باشد در برنامه Mega (۳۵) از نظر داشتن یا نداشتن کدون‌های پایانی مورد بازبینی قرار می‌گیرند و در صورت صحت داده‌ها برای انجام تحلیل‌های بعدی مورد استفاده قرار می‌گیرند. از نرم‌افزار Mega برای محاسبه فاصله ژنتیکی درون و بین‌گونه‌ای استفاده گردید.

نرم‌افزار Barrier V2.2 (۲۸) برای تعیین سدهای جغرافیایی استفاده شده است. در این نرم‌افزار ابتدا ماتریس‌های فواصل جغرافیایی و فواصل ژنتیکی از نظر آماری باهم مقایسه شده و در صورت وجود ارتباط معنادار باهم، ماتریس باقیمانده‌ای (residual) شکل می‌گیرد و براساس آن سدهای بین دودمان‌های حاصل از هر منطقه با عددی بین صفر تا یک مشخص می‌گردد. سدهای نزدیک به مقدار یک نشانه قوی‌ترین سدها خواهد بود. نمودار تحلیل مؤلفه‌های اصلی که بر روی فواصل ژنتیکی (FST) تک‌تک افراد که با نرم‌افزار Arlequin 3.5.2 (۱۹) محاسبه شده، با نرم‌افزار PAST 2.06 (۲۲) انجام و جدایی جمعیت‌ها در آن نیز میزان شدت سد بیوجغرافیایی را

ژنتیکی بین دودمان‌های مختلف هر آرایه و ارزیابی گریز راه‌های احتمالی بین آنها است. در این مطالعه از آرایه‌هایی استفاده شده که زمان واگرایی آنها مربوط به عصر یخبندان کواترنر باشد تا بتوان واگرایی آنها را به دوره‌های سرد این دوره نسبت داد.

مواد و روشها

در این مطالعه الگوی پراکنش جغرافیایی چندگونه از جوندگان در مناطق شمالی، شمال‌شرق، شمال‌غرب، ایران مرکزی و جنوب‌شرق بررسی شده و مسیرهای نفوذ و سدهای بیوجغرافیایی بین این مناطق در این گونه‌ها بررسی شده است. انتخاب گونه براساس مطالعات انجام‌شده توسط مؤلف و همکاران و فراوانی و سهولت دسترسی به نمونه‌ها بوده است. این الگوها به‌طور عمده با استفاده از ژنتیک مولکولی بر پایه توالی‌های ژن سیتوکروم *b* بررسی شده‌اند. تنها در مطالعه گونه زیبا موش البرزی از توالی‌های دی لوپ استفاده گردیده است.

روش استخراج DNA، واکنش زنجیره‌ای پلیمرز و تعیین توالی: تمام DNA های ژنومی از بافت ماهیچه یا کبدی نگهداری شده در اتانول ۹۵٪ و در دمای ۲۰ درجه زیر صفر با استفاده از روش استاندارد نمکی استخراج شدند (۱۱ و ۱۴). ژن سیتوکروم *b* با استفاده از پرایمرهای (5'-ACT AAT GAC ATG AAA AATCAT CGT T-3' و (5'-TCT TCA TTT TTG GTT TAC AAG AC-3') تکثیر گردید. شرایط تکثیر شامل یک مرحله آغازی دودقیقه‌ای در دمای ۹۵ درجه است که با ۳۰ دور تکثیر با شرایط ۱ دقیقه در ۹۲ درجه، ۱ دقیقه در دمای ۵۸ درجه و ۱ دقیقه در دمای ۷۲ درجه انجام شد و یک مرحله پایانی به مدت ۱۰ دقیقه، در دمای ۷۲ درجه تنظیم گردید (۳۰).

علاوه براین، از نشانگر *D-loop* (با حدود ۸۵۰ باز) با پرایمر رفت 5'-CACCACCAGCACCCAAAGCT-3' و پرایمر برگشت 3'-AGCATTTTCAGTGCTTTGCT-5' تکثیر گردید. شرایط تکثیر شامل مرحله آغازی به

آشکار می‌سازد. این تحلیل‌ها برای چندگونه منتخب از چونندگان بر اساس کفایت تعداد نمونه‌ها و در دسترس بودن انجام گرفته است. تنها برخی نمونه‌های حشره‌خوار

جدول ۱- شماره دسترسی نمونه‌های متعلق به حشره‌خوار دندان سفید و سنجابک درختی که در این مطالعه از بانک ژن دریافت شده است.

شماره	نام منطقه	شماره دسترسی در بانک ژن	شماره	نام منطقه	شماره دسترسی در بانک ژن
				<i>Crocidura sp.</i>	
۱	اسالم، استان گیلان	DQ630055	۱۵	نوکنده، استان مازندران	DQ630063
۲	چورتی، استان مازندران	DQ630056	۱۶	مشهد، استان خراسان رضوی	DQ630062
۳	اسالم، استان گیلان	DQ630057	۱۷	اسپیدان، استان اصفهان	DQ630058
۴	آستارا، تالش، استان گیلان	AY994368	۱۸	کرمان، استان کرمان	DQ630059
۵	آستارا، تالش، استان گیلان	AY994369	۱۹	<i>Dryomys nitedulla</i>	
۶	بوردالو، استان گیلان	AY994370	۲۰	قفقاز	KF699219
۷	محمد یار، آذربایجان غربی	DQ630074	۲۱	قفقاز	KF699218
۸	بسطام، آذربایجان غربی	DQ630084	۲۲	قفقاز	KJ739700
۹	بسطام، آذربایجان غربی	DQ630091	۲۳	قفقاز	KJ739702
۱۰	محمد یار، آذربایجان غربی	DQ630094	۲۴	قفقاز	KJ739701
۱۱	النجه، استان همدان	DQ630073	۲۵	قفقاز	KJ739699
۱۲	النجه، استان همدان	DQ630092	۲۶	قفقاز	KJ739705
۱۳	بیستون، استان کرمانشاه	DQ630093	۲۷	قفقاز	KJ739704
۱۴	بیستون، استان کرمانشاه	DQ630080	۲۸	قفقاز	KJ739703

نتایج

دودمان را از هم متمایز می‌کند که عبارتند از: سد اول (دشت مرکزی ایران) خود با دو سد فرعی بترتیب زیرگونه *M. m. musculus* را از زیرگونه‌های *M. m. isatissus* و *M. m. bactrianus* با مقادیر ۰/۹۰۳ و ۰/۸۶۹ جدا می‌سازد. سد دوم (کویر ابرکوه) زیرگونه‌های *M. m. domesticus* را از *M. m. isatissus* با توان ۰/۸۹۲ جدا می‌کند. سد سوم (کویر لوت) جداکننده *M. m. bactrianus* از *M. m. isatissus* با قدرت جداکنندگی ۰/۸۱۰ است.

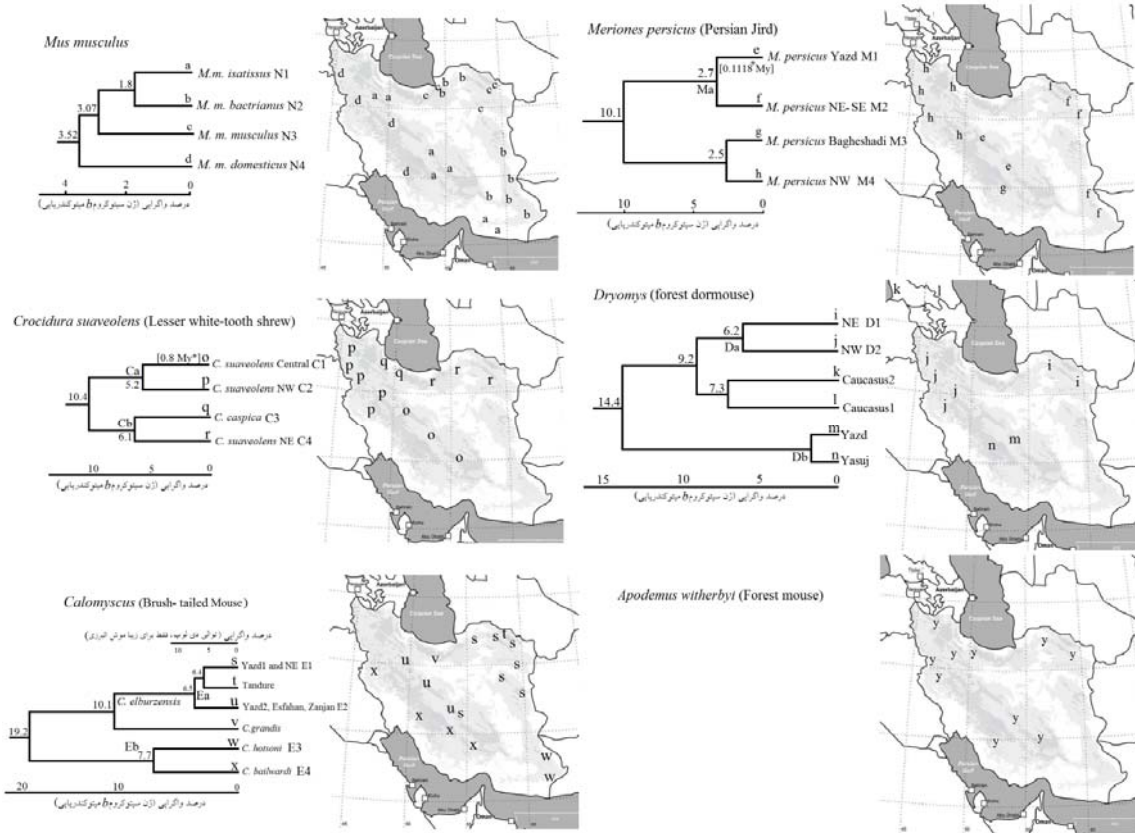
تحلیل مؤلفه‌های اصلی در دو حالت بررسی گردید. در حالت اول بین زیرگونه‌ها و حالت دوم بین جمعیت‌ها (شکل ۲ الف). وجود ارتباط اعضای هر کلاد در نواحی جغرافیایی مختلف بیانگر نفوذ اعضای آن کلاد در آن نواحی است. به‌عنوان مثال در موش خانگی، اعضای

زیرگونه‌های موش خانگی در ایران *Mus musculus*, House mouse

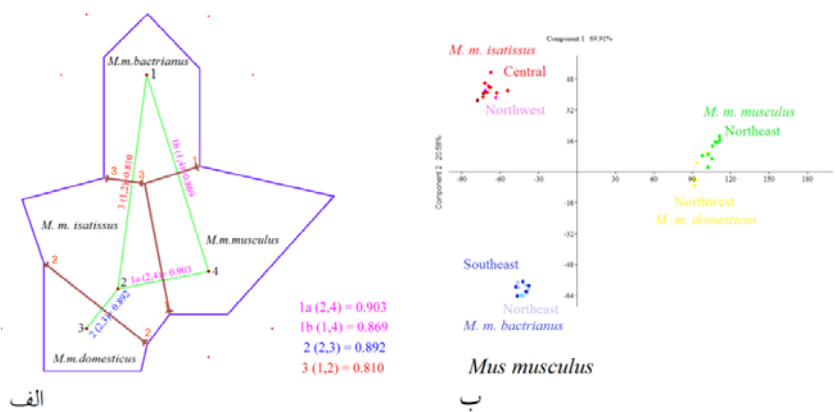
مطالعات ژنتیک مولکولی بر اساس ژن سیتوکروم *b* نشان‌دهنده وجود چهار دودمان در سطح زیرگونه در ایران است (شکل ۱) (۲۱). توزیع این چهار زیرگونه را در فلات ایران نشان می‌دهد. *M. m. bactrianus* در جنوب‌شرق تا شمال‌شرق، *M. m. musculus* در شمال‌شرق، *M. m. isatissus* در رشته‌کوه‌های مرکزی از شیرکوه تا اصفهان و زنجان، *M. m. domesticus* در غرب ایران در زاگرس دیده می‌شوند. فاصله ژنتیکی این دودمان‌ها بین ۱/۸ و ۳/۵ متغیر است (شکل ۱). تحلیل تعیین سد بیوجغرافیایی در شکل ۲ نمایش داده شده است. برطبق این تحلیل، سه سد این چهار

۲.ب). چنین گریز راهی بین جنوب‌شرق و شمال‌شرق در زیرگونه *M. m. bactrianus* نیز دیده می‌شود.

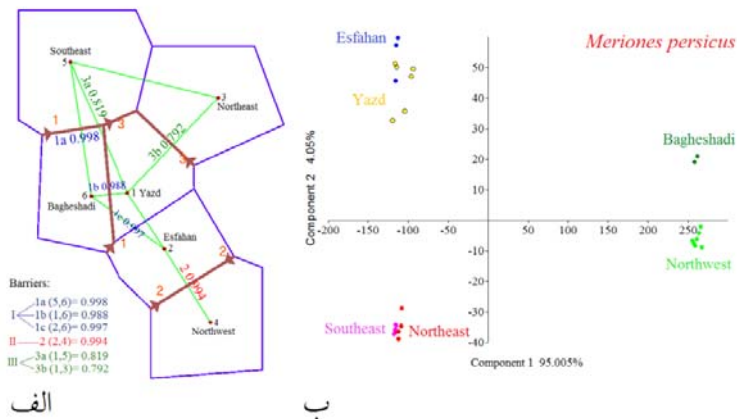
زیرگونه *M. m. isatissus* بدون وجود سدی بین نواحی شمال‌غرب (زنجان) و ایران مرکزی عبور کرده‌اند (شکل



شکل ۱- الگوهای فیلوژغرافیایی ساده شده در موش خانگی، جرد ایرانی، حشره خوار، سنجابک درختی و موش کشتزار، از آنجا که هیچگونه واگرایی ژنتیکی در موش کشتزار مشاهده نگردید، درخت مربوطه نشان داده نشده است. از دودمان‌هایی که با حروف و اعداد مشخص شده‌اند برای رسم درخت فیلوژغرافیایی استفاده شده است.



شکل ۲- نمودار حاصل از تحلیل Barrier در موش خانگی (الف) و پراکنش هاپلوتایپ‌های مربوط به توالی‌های ژن سیتوکروم *b* در تحلیل مولفه‌های اصلی (ب).



شکل ۳- نمودار حاصل از تحلیل Barrier در جرد ایرانی (الف) و پراکنش هاپلوتایپ‌های مربوط به توالی‌های ژن سیتوکروم *b* در تحلیل مولفه‌های اصلی (ب). به جدایی نمونه‌های غربی با بیش از ۹۵ درصد واریانس از نمونه‌های شرقی توجه نمایید.

در جرد ایرانی نیز همین گریز راه جمعیت‌های جنوب شرق را به شمال شرق ارتباط می‌دهد (شکل ۳).

شمال شرق جدا می‌سازد. نکته جالب این‌که بین باغ شادی و نمونه‌های شمال غرب سدی ارائه نشده است که امری طبیعی است زیرا منطقه باغ شادی در امتداد رشته‌کوه‌های زاگرس واقع شده است. همچنین بین نمونه‌های شمال شرق و جنوب شرق نیز سدی گزارش نشده است که این مساله نیز با توپولوژی درخت مولکولی و هم‌گروه بودن جردهای این دو منطقه هم‌خوانی دارد. اصفهان و یزد نیز بدون هیچ‌گونه سدی باهم ارتباط دارند. به این معنی که مسیرهای اصفهان به یزد، شمال شرق به جنوب شرق و همچنین شمال غرب به سمت باغ شادی به‌مثابه گریز راهی برای عبور این‌گونه عمل کرده است. این مسیرهای نفوذ با تحلیل مؤلفه‌های اصلی و نزدیکی این مناطق جغرافیایی حمایت می‌گردد (شکل ۳).

در جرد ایرانی نیز همین گریز راه جمعیت‌های جنوب شرق را به شمال شرق ارتباط می‌دهد (شکل ۳).

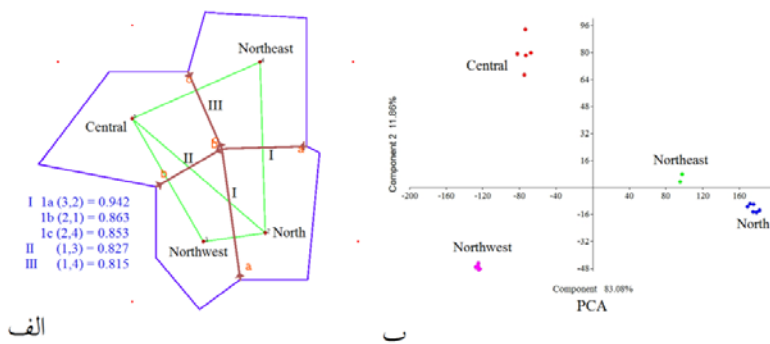
جرد ایرانی (*Meriones persicus*): مطالعات اولیه بر روی توالی‌های ژن سیتوکروم *b* در جرد ایرانی در مناطق جغرافیایی مختلف حاکی از وجود چهار دودمان معتبر است (۳ و ۱۶). این دودمان‌ها در ایران مرکزی، شرق و بخش‌های غربی زاگرس پراکنش یافته‌اند و فواصل ژنتیکی بین آنها بین ۲/۵ تا ۱۰/۱ متغیر است (شکل ۱). مطالعات ریخت‌سنجی نیز از وجود این چهار دودمان حمایت می‌کند (۳ و ۱۷).

تحلیل باریر روی توالی‌های ژن سیتوکروم *b* آنها نشان‌دهنده وجود سه سد است که عامل گسستگی ژنتیکی بین این دودمان‌ها است. سد اول که قوی‌ترین است خود از سه سد فرعی تشکیل شده که بترتیب نشانه جدایی نمونه‌های باغ شادی از نمونه‌های ساکن جنوب شرق با مقدار ۰/۹۹۸، جدایی نمونه‌های یزد و باغ شادی با مقدار ۰/۹۸۸ و جدایی نمونه‌های اصفهان و باغ شادی با مقدار ۰/۹۹۷ است. سد دوم بین اصفهان و شمال غرب قرار داشته و با مقدار عددی ۰/۹۹۴، آنها را از یکدیگر جدا می‌کند. سد سوم از دو سد فرعی تشکیل شده که یکی از آنها نمونه‌های یزد را از یک طرف با مقدار ۰/۸۱۹ از جردهای جنوب شرق و از طرف دیگر با مقدار ۰/۷۹۲ از جردهای

حشره‌خوار دندان سفید کوچک (*Crocidura suaveolens*): مطالعه توالی‌های ژن سیتوکروم *b* با استفاده از داده‌های بانک ژن و نمونه‌هایی از مناطق مختلف حاکی از وجود چهار دودمان در ایران است. این دودمان‌ها بین ۵/۲ تا ۱۰/۱ درصد واگرایی ژنتیکی نشان می‌دهند. این دودمان‌ها در نواحی شمال شرق، سواحل غربی دریای خزر در اسالم، شمال غرب و نمونه‌هایی از یزد، کرمان و اصفهان حضور دارند (شکل ۱). نتیجه تحلیل باریر در این کلادها نشان‌دهنده حضور سه سد اصلی بین

این کلادها می‌باشد. سد اول با دو سد فرعی بترتیب نمونه‌های شمال غرب را با مقادیر $0/927$ و $0/867$ از نمونه‌های یزد و سواحل غربی دریای خزر جدا می‌سازد. سد دوم نیز با دو سد فرعی با مقادیر $0/907$ و $0/811$ یزد را بترتیب از شمال شرق و سواحل غربی خزر مجزا می‌کند. سد سوم با مقدار $0/792$ جداکننده شمال شرق از سواحل

غربی دریای خزر است. سد سوم نشان می‌دهد شبیه‌ترین کلاد به نمونه‌های شمال شرق، نمونه‌های سواحل خزر است. لذا تمام کلادها با این سدها از یکدیگر جدا می‌شوند. تحلیل مؤلفه‌های اصلی (شکل ۴) نیز نشان‌دهنده دو کلاد اصلی است که خود به دو زیر کلاد متمایز می‌شوند.



شکل ۴- نمودار حاصل از تحلیل Barrier حشره خوار (الف) و پراکنش هاپلوتایپ‌های مربوط به توالی‌های ژن سیتوکروم *b* در تحلیل مؤلفه‌های اصلی (ب). به جدایی نمونه‌های سواحل غربی دریای خزر با بیش از ۸۲ درصد واریانس از سایر هاپلوتایپ‌ها توجه نمایید.

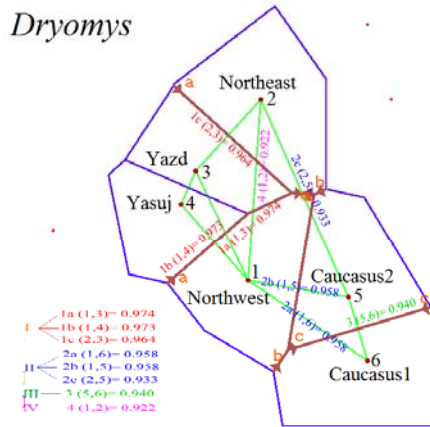
این تحلیل نشان می‌دهد هاپلوتایپ‌های یزد، اصفهان و کرمان در تحلیل مؤلفه‌های اصلی فاصله دارند که می‌تواند نشانه نوعی گسستگی بین آنها باشد. چنین مشاهده‌ای در نمونه‌های شمال شرق تا استان گلستان نیز مشاهده می‌شود.

سنجابک درختی *Dryomys sp. Forest dormouse*

مطالعه توالی‌های متعلق به ژن سیتوکروم *b* در این آرایه نشان‌دهنده وجود پنج کلاد است که سه دودمان ساکن ایران هستند. این سه دودمان در قالب دو کلاد اصلی دیده می‌شوند که یکی مربوط به نمونه‌های ایران مرکزی در شیرکوه یزد و یاسوج است و کلاد دوم خود از دو زیرکلاد معتبر یکی شمال غرب و دیگری شمال شرق را اشغال می‌کند. واگرایی ژنتیکی این کلادها بترتیب $14/4$ و $6/2$ درصد است (شکل ۱). مطالعات نشان می‌دهند نمونه‌های توصیف‌شده در کرمان از نظر ریختی به نمونه‌های شیرکوه بسیار نزدیک هستند (۱ و ۳). تحلیل باربر روی این توالی‌ها در دو حالت با احتساب نمونه‌های قفقاز و بدون در نظر گرفتن آنها در شکل ۵ نشان داده شده است.

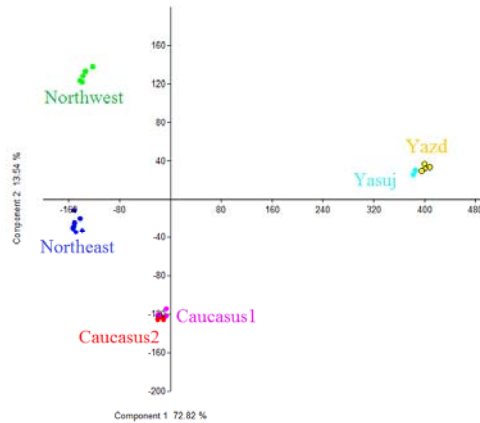
براساس این تحلیل، پنج سد با احتساب نمونه‌های قفقاز، تشخیص داده شده است. علت تعدد سدها وجود نمونه‌های قفقاز است که این مناطق در تحلیل نواحی ایرانی در نظر گرفته نشده‌اند. سد اول که مهمترین سد است سه سد فرعی را شامل می‌شود که دو سد آن بترتیب با مقادیر $0/974$ و $0/973$ نمونه‌های شمال غرب را از نمونه‌های یزد و یاسوج جدا نموده و سد فرعی سوم با مقدار عددی $0/964$ نمونه‌های یزد را از شمال شرق مجزا می‌سازد. سد اصلی دوم با سه سد فرعی به‌طور عمده نمونه‌های قفقاز را بترتیب از شمال غرب ($0/958$) و شمال شرق ($0/933$) جدا می‌سازد. سد سوم جداکننده دو جمعیت قفقاز با مقدار عددی $0/940$ است. سد چهارم با رقم $0/922$ جمعیت‌های شمال غرب را از شمال شرق جدا نموده و سرانجام سد پنجم که عدد $0/641$ را نشان می‌دهد نمونه‌های یزد و یاسوج را جدا می‌کند. مقدار پایین سد آخر نشانه اخیر بودن جدایی نمونه‌های یزد از یاسوج احتمالاً به دلیل تشکیل کویر ابرکوه بین آنها است. این

واریانس جدا شده درحالی‌که سایر جمعیت‌ها بطور عمده در طول محور اول متمایز می‌شوند.



الف

تحلیل وجود سدهای بیوجغرافیایی بین تمام نواحی را نشان می‌دهد. تحلیل مؤلفه‌های اصلی به‌وضوح جدایی نمونه‌های یزد را در امتداد محور اول با حدود ۷۳٪ از



ب

شکل ۵ - نمودار حاصل از تحلیل Barrier در سنجابک درختی (الف) و پراکنش هاپلوتاایپ‌های مربوط به توالی‌های ژن سیتوکروم *b* در تحلیل مولفه‌های اصلی (ب). تحلیل در دو حالت یکی با احتساب نمونه‌های قفقاز و دیگری بدون احتساب آنها انجام شده است.

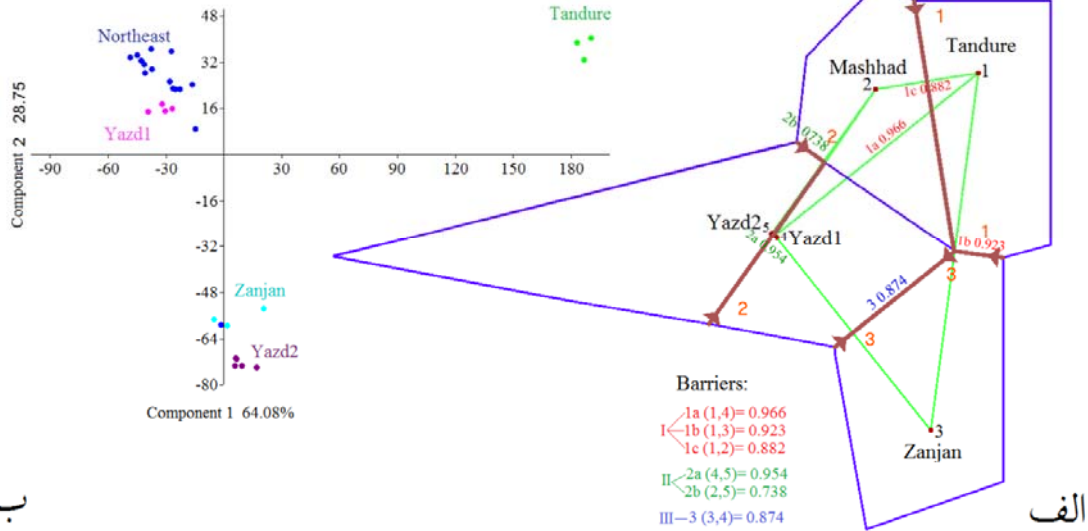
نمونه‌های شمال‌شرق، زنجان و یزد ۱ را با توان ۰/۹۶۶، ۰/۹۲۳ و ۰/۸۸۲ مجزا می‌سازد. سد دوم نمونه‌های یزد ۲ را بترتیب با مقادیر ۰/۹۵۴ و ۰/۷۳۸ از یزد ۱ و شمال‌شرق جدا می‌کند. سومین سد نمونه‌های یزد ۱ را از نمونه‌های زنجان با مقدار ۰/۸۷۴ جدا می‌سازد. نکته جالب این‌که بین نمونه‌های شمال‌شرق و یزد ۱ سدی ارائه نشده است. این می‌تواند به دلیل وجود گریز راهی باشد که اعضای کلاد شمال‌شرقی توانسته‌اند خود را از شمال شرق به ارتفاعات یزد برسانند. همچنین سدی بین زنجان و شیرکوه نیز ارائه نشده که می‌توان علت آن را به وجود گریز راه ارتباطی بین این دو ناحیه، نسبت داد.

موش کشتزار *Apodemus witherbyi*, Field mouse: مطالعه جمعیت‌های این‌گونه در ایران براساس توالی‌های ژن سیتوکروم *b* مورد مطالعه قرارگرفت و علیرغم تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌های آن، واگرایی مشخصی به شکل کلادهای معتبر مشخص نشده است.

گونه‌های زیبا موش (Brush tailed- mouse) *Calomyscus sp.*: زیبا موش البرزی به همراه سایر گونه‌های آن در ایران توسط مؤلفان متعددی مورد مطالعه قرارگرفته است (۱۰، ۲، ۳). براساس این مطالعات، دامنه پراکنشی چهار گونه از این جنس در شکل ۱ نشان داده شده است. مطالعات ژنتیک مولکولی بر روی گونه البرزی براساس توالی دی لوپ حکایت از وجود سه دودمان در این‌گونه در نواحی شمال‌شرق و ایران مرکزی است که تا شمال‌غرب در ناحیه زنجان نیز پیش رفته است. این تحلیل نشان می‌دهد نمونه‌های یزد در دو کلاد گروه‌بندی شده‌اند. یزد ۱ که با نمونه‌های شمال‌شرق و یزد ۲ که با نمونه‌های شمال‌غرب هم‌گروه شده‌اند.

تحلیل باربر و مؤلفه‌های اصلی بر روی این توالی‌های دی لوپ و فقط بر روی زیبا موش البرزی انجام گرفت. تحلیل مولکولی این توالی‌ها حاکی از وجود سه سد اصلی بین دودمان‌های این‌گونه است (شکل ۶). اولین سد، با سه سد فرعی نمونه‌های تندوره در شمال‌شرق (کپه‌داغ) از سایر

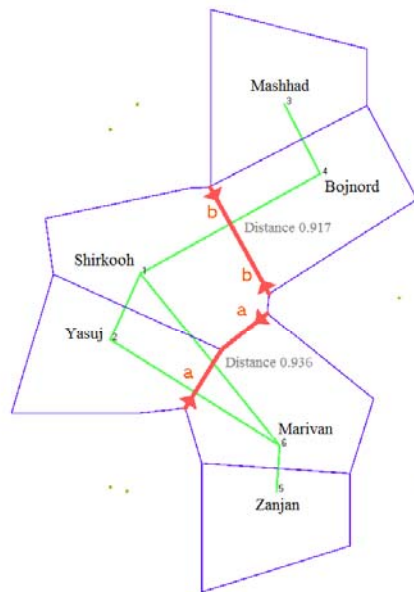
PCA Analysis



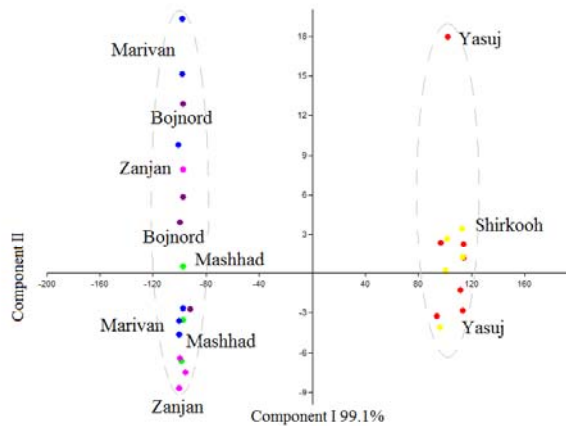
شکل ۶- نمودار حاصل از تحلیل Barrier در زیبا موش البرزی (الف) و پراکنش هاپلوتایپ‌های مربوط به توالی‌های ژن سیتوکروم *b* در تحلیل مولفه‌های اصلی (ب).

این‌گونه را در ایران نشان می‌دهد. علاوه بر این، تحلیل‌های باریر و مؤلفه‌های اصلی بر روی آن جمعیت‌های این‌گونه در شکل ۷ نشان داده شده است.

این‌گونه بیشترین دامنه پراکنشی را در ایران بین گونه‌های مختلف جنس *Apodemus* دارد ولی در سواحل دریاها و جنوب شرق ایران وجود ندارد (۱۸). شکل ۱ دامنه پراکنشی



الف



ب

شکل ۷- نمودار حاصل از تحلیل Barrier در موش کشتزار *A. witherbyi* (الف) و پراکنش هاپلوتایپ‌های مربوط به توالی‌های ژن سیتوکروم *b* در تحلیل مولفه‌های اصلی (ب).

نتایج این مطالعات نشان می‌دهد علیرغم ناهمخوانی الگوهای فیلوجغرافیایی، جدایی دودمان‌های مختلف به‌خوبی با ساختار ناهم‌واری‌های فلات ایران در انطباق است. یکی از مهمترین ویژگی‌های فلات ایران وجود سدهای بیابانی و کویری است که انتشار بسیاری از آرایه‌ها را محدود می‌سازد. این سدها در تحلیل باریر نیز بین دودمان‌ها نشان داده شده‌اند. یکی از این سدها کویر ابرکوه بین شیرکوه و ضلع شرقی زاگرس است که جداکننده نمونه‌های ایران مرکزی از شمال‌غرب در گونه‌هایی همچون جرد ایرانی، موش خانگی، زیباموش و حشره‌خوار کوچک است. کویر لوت و جازموریان در جنوب‌شرق ایران سد مهم بعدی است که جداکننده نمونه‌های ایران مرکزی از نمونه‌های جنوب‌شرق مانند زیبا موش، موش کشتزار شیرازی، سنجابک درختی و جرد ایرانی است. کویر مرکزی ایران، یکی از خشک‌ترین و گرم‌ترین بیابان‌های جهان، جداکننده نمونه‌های ایران مرکزی از شمال‌شرقی ایران همچون جرد ایرانی، سنجابک، حشره‌خوار و موش خانگی یزد است. دو دودمان از زیبا موش البرزی برای رسیدن به ایران مرکزی مجبور به دور زدن آن شده‌اند.

این سدها برای نمونه‌های مطالعه شده چونندگان که اغلب کوه‌زی‌اند می‌توانند مانعی مهم تلقی شوند درحالی‌که در نمونه‌های ساکن مناطق کم‌ارتفاع، کوه‌ها نقش سدهای بیوجغرافیایی را ایفا می‌کنند. الگوی پراکنشی خاصی در حشره‌خوار کوچک دیده می‌شود که در مناطق پست و کم-ارتفاع ساکن بوده و بدلیل حساسیت به سرما و رطوبت دوست بودن (۱۸ و ۱۲)، قادر به زندگی در عرض‌های جغرافیایی بالا و یا ارتفاعات نیست. کوه‌های مرکزی ایران، البرز و زاگرس و بیابان‌های حاشیه آنها، سدهای فیزیولوژیکی مهمی در برابر پراکنش این حشره‌خواران برعهده داشته‌اند. تالش در بخش‌های جنوب‌غربی دریای خزر که زیستگاه مناسب *C. caspicus* است، به‌عنوان ناحیه پناهگاهی عصر یخبندان برای این پستانداران کوچک

برطبق این تحلیل جمعیت‌های یاسوج و شیرکوه جدایی نسبی را از سایر جمعیت‌ها با دو سد با توان‌های ۰/۹۳۷ و ۰/۹۱۷ بترتیب از جمعیت‌های شمال‌غرب و شمال‌شرق، نشان می‌دهند و تحلیل مؤلفه‌های اصلی نیز این جدایی را در طول اولین مؤلفه با بیش از ۹۹٪ واریانس تایید می‌کند. با توجه به حضور چهار گونه از این جنس و نظر به این‌که کمترین زمان واگرایی بین آنها را به ۵/۲ میلیون سال تعیین سن شده (۱۸)، لذا وقایع تاریخی منتج به واگرایی گونه‌های دیگر این جنس خارج از دوره کواترنر بوده و در این بخش بررسی نشده‌اند.

بحث

الگوهای پراکنشی دودمان‌های مطالعه شده هم‌خوانی چندانی را نشان نمی‌دهند که این از ویژگی‌های مناطق پناهگاهی است. این الگوی متفاوت پراکنشی حکایت از وجود پیشینه تاریخی متفاوت است. به نظر می‌رسد هر آرایه طبق برنامه‌های متفاوت از آرایه‌های دیگر، به دوره‌های سرد کواترنر پاسخ داده است و لذا نشان‌دهنده تاریخ گذشته منحصربه‌فرد در آنها است. به‌عنوان مثال اشغال نواحی شمال‌شرق، شمال‌غرب و ایران مرکزی در زیبا موش البرزی منجر به ایجاد فاصله مولکولی ۶/۵٪ شده است حال آن‌که اشغال همین سه ناحیه توسط سنجابک درختی، منجر به درصد واگرایی ژنتیکی ۱۴/۴٪ شده است (شکل ۱). این موضوع، به الگوهای فیلوجغرافیایی مختلف در دودمان‌های مختلف را تأیید می‌کند. یک دلیل این ناهم‌خوانی سرعت اشغال شدن یک پناهگاه توسط یک آرایه است که با پرکردن سریع زیستگاه‌ها، ورود آرایه‌های جدید به آن ناحیه را محدود نموده یا به تأخیر می‌اندازد. دلیل دیگر این ناهم‌خوانی (با فرض هم‌زمانی ورود دو آرایه) ممکن است انقراض جمعیت اجدادی یک پناهگاه به دلیل سرمای شدید باشد که با خالی شدن آن زیستگاه، آرایه جدیدی به آن ناحیه وارد و دودمان جدیدی را در آن پایه‌گذاری کرده باشد (۳۴).

منطقه نوعی تمایز ژنتیکی بین جمعیتی را نسبت به جمعیت‌های مناطق هم‌جوار نشان می‌دهند که این موضوع در موش کشتزار یزد دیده می‌شود (۳). اعضای این‌گونه احتمالاً از شمال‌غرب وارد ایران شده و خود را به ایران مرکزی رسانده‌اند. گفته شده این‌گونه در جنوب‌شرق ایران حضور ندارد (۱۸) لذا به نظر می‌رسد رشته‌کوه‌های مرکزی منتهی‌الیه جنوب‌شرقی این‌گونه باشد. برخی دیگر از آرایه‌ها با داشتن الگوی فیلوژغرافیایی خاص از مسیرهای مختلف دامنه پراکنشی خود را به سمت شیرکوه گسترش داده‌اند و این منطقه محل تماس دوباره آنها شده است زیرا موش البرزی چنین الگویی را ارائه می‌دهد و نمونه‌های هریک از این مسیرها به زیرگونه خاصی تعلق دارند. این‌گونه توسط دو گریز راه یکی بین شمال‌شرق به سمت شیرکوه منجر به ایجاد زیرگونه *C. elburzensis elburzensis* و دیگری بین شمال‌غرب و شیرکوه سبب ایجاد زیرگونه *C. elburzensis isatissus* شده است (۳). تمایز ژنتیکی زیبا موش‌های شیرکوه نسبت به سایر نواحی پیش‌ازین نیز با روش‌های مولکولی و استفاده از ژن میتوکندری نشان داده شده است (۷). وجود این گریزراه‌ها با تحلیل باریر نیز نشان داده شده‌اند. گروه سوم آرایه‌هایی هستند که توانسته‌اند در شیرکوه به درجه‌ای از واگرایی دست یابند که بتوان به آنها رتبه آرایه‌شناختی خاصی اطلاق نمود. این آرایه‌ها شامل زیرگونه موش خانگی شیرکوه (۲۱) و حشره‌خوار دندان سفید کوچک در ایران مرکزی است (۳). واگرایی ژنتیکی محاسبه شده برحسب فاصله کیمورا ۲ پارامتری در این آرایه‌ها، رتبه آرایه‌شناسی زیرگونه را برای آنها نشان می‌دهد. با توجه به خاستگاه احتمالی موش خانگی در شبه‌قاره هند، جمعیت‌های اجدادی از طریق جنوب‌شرق وارد شده و واگرایی زیرگونه شیرکوه و *M. m. bactrianus* از این محل آغاز شده است و موش خانگی از این طریق خود را به ایران مرکزی رسانیده است (۴ و ۱۳). ایجاد سد بیوجغرافیایی بعداً موجب واگرایی نمونه‌های ایران مرکزی

معرفی شده است (۱۸). مسیرهای نفوذ (گریز راه‌ها) بین نواحی بسته به نوع آرایه و توانایی‌های فیزیولوژیکی، توان مقاومت بوم‌شناختی و یا محدودیت‌های پراکنشی آن آرایه، متفاوت‌اند. به‌عنوان مثال ارتباط بین جمعیت‌های جرد ایرانی جنوب‌شرق و شمال‌شرق ایران از طریق چنین گریز راهی انجام گرفته است به طوری که نمونه‌های این دو منطقه تمایزی از نظر ریخت‌سنجی و کروموزومی نشان نمی‌دهند (۱۷). این گریز راه بین این دو ناحیه بدون معرفی سدی در تحلیل باریر نیز قابل مشاهده است (شکل ۳). زیبا موش هاتسونی نیز از طریق همین گریز راه، توانسته دامنه انتشاری خود را از مناطق جنوب‌شرقی به بخش‌های شمالی‌تر گسترش دهد بطوری که دامنه انتشاری آن به جنوبی‌ترین محدوده حضور زیبا موش البرزی رسیده و احتمالاً به دلیل رقابت بین‌گونه‌ای در آن ناحیه متوقف شده است (۲). گریز راه دیگری بین شمال‌شرق به سمت ایران مرکزی دیده می‌شود که زیبا موش البرزی به واسطه آن خود را به شیرکوه رسانده است. این گریز راه نیز بدون ارائه سدی در تحلیل باریر انجام گرفته روی توالی‌های نمونه‌های البرزی غرب کویر مرکزی نیز قابل مشاهده است (شکل ۶). گریز راه بعدی بین ارتفاعات نواحی شرقی شمال‌غرب در جنوب زنجان شروع شده و تا بخش‌های جنوب‌شرقی ایران مرکزی امتداد یافته است. عبور جوندگانی مانند زیرگونه موش خانگی ایساتیسوس، جرد ایرانی، حشره‌خوار دندان سفید کوچک و زیبا موش البرزی در طول این مسیر جابجا شده‌اند.

رشته‌کوه‌های ایران مرکزی با مرکزیت شیرکوه، به‌عنوان یک ناحیه پناهگاهی و جدا شده توسط سدهای گوناگون از سایر نواحی، مأمّن دودمان‌های زیادی است که کم‌وبیش توانسته‌اند با جدا شدن از نواحی هم‌جوار واگرایی ژنتیکی یابند. برخی از آرایه‌های بدام افتاده در این منطقه جدا افتاده به دلیل توان مقاومتی بالا نسبت به تغییرات اقلیمی نتوانسته‌اند واگرایی ژنتیکی لازم جهت اطلاق یک رتبه آرایه‌شناختی را کسب نمایند درعین حال جمعیت‌های این

استفاده از داده‌های مولکولی می‌تواند نقش جدا افتادگی این ناحیه را در جایگاه آرایه‌شناسی آنها بیش‌ازپیش آشکار سازد.

تشکر و قدردانی

این مطالعه با همکاری اداره کل حفاظت محیط‌زیست استان یزد در قالب طرح پژوهشی مطالعه چونندگان استان یزد (قرارداد شماره ۱۲۱-۳۲۲۱۷) انجام‌گرفته است. جهت انجام تحلیل رایانه‌ای، از خدمات مرکز محاسبات سنگین دانشگاه فردوسی مشهد استفاده‌شده که بدین‌وسیله تشکر و قدردانی می‌گردد.

و زیرگونه *M. m. bactrianus* شده که در تحلیل باربر نیز به آن اشاره شده است. سرانجام سنجابک درختی در شیرکوه و یاسوج بافاصله ژنتیکی بیش از ۱۴٪ (۳)، داوطلب کسب رتبه آرایه شناختی در سطح گونه است. این واگرایی بالا نشانه خاستگاه آنها از یک جمعیت اولیه و بازمانده و قدیمی است ولی ورود آنها به ایران مرکزی نیاز به مطالعه بیشتری دارد. مقایسه این داده‌ها نشان می‌دهد که این بخش از فلات ایران بایستی به‌عنوان ناحیه‌ای با غنای زیستی متنوع نگریسته شود. این مطالعه نشان می‌دهد داده‌های مولکولی ابزار مناسبی برای نشان دادن مسیرهای مهاجرت و کلونیزاسیون بوده (۶) و مطالعات آرایه‌های دیگر بویژه گروه‌های جانوری مهره‌دار و غیرمهره‌دار با

منابع

- ۱- آذر پیرا، م.، مجد زاده، م.، و درویش، ج.، ۱۳۹۱. مطالعه فونستیکی چونندگان (Rodentia: Mammalia) منطقه شکار ممنوع انجرک در استان کرمان، مجله زیست‌شناسی ایران، جلد ۲۵، شماره ۲ صفحات ۲۴۰-۲۵۱.
- ۲- اکبری راد، ص.، ۱۳۹۴. بازنگری تبارزایی خانواده زیبا موشیان، رساله دکتری بیوسیتماژیک جانوری، دانشگاه فردوسی مشهد، ۱۱۳-۱۰۶.
- ۳- حدادیان شاد، ح.، ۱۳۹۵. مطالعه فون چونندگان و حشره خواران شیرکوه یزد و بررسی خاستگاه استقرار گونه‌ها با توجه به تغییرات اقلیمی عصر یخبندان در ایران مرکزی، رساله دکتری بیوسیتماژیک جانوری، دانشگاه فردوسی مشهد، ۳۰۳-۲۹۷.
- ۴- درویش، ج.، ۱۳۷۶. مطالعه ریختی دندان‌ی و جمجمه‌ای موش خانگی اوراسیا و شمال آفریقا *Mus musculus* ۱۷۶۶ مجله زیست‌شناسی ایران، شماره ۴ جلد ۱، صفحات ۸۴-۱۱۰.
- ۵- درویش، ج.، ۱۳۹۳. مطالعه فون چونندگان مناطق حفاظت شده استان یزد، طرح پژوهشی دانشگاه فردوسی و اداره کل محیط‌زیست استان یزد به شماره قرارداد ۱۲۱-۳۲۲۱۷، صفحات ۲۱۰-۲۰۳.
- ۶- رجبی ماهام، ح.، و عزیز، و.، ۱۳۹۲. بررسی فیلوژغرافیایی موش مقدونیه (*Mus macedonicus* Petrov & Ruzic) 1983 در شمال غرب ایران، مجله پژوهش‌های جانوری (مجله زیست‌شناسی ایران) جلد ۲۶، شماره ۳، صفحات ۲۸۹-۲۸۷.
- ۷- شهابی، س.، درویش، ج.، و علی آبادیان، م.، ۱۳۹۲. بررسی وضعیت آرایه شناختی و تبارزایی جمعیت‌های جنس زیبا موش (*Calomyscus*) در فلات ایران با استفاده از داده‌های ژن میتوکندری COI. مجله پژوهش‌های جانوری (مجله زیست‌شناسی ایران)، جلد ۲۶، شماره ۲، صفحات ۱۷۰-۱۶۳.
- ۸- طالقانی علائی، م.، ۱۳۸۴. ژئومورفولوژی ایران، نشر قومس، صفحات ۱۹۸-۱۶۹.
- 9- Ahmadzadeh, F., Carretero, M.A., Rodder, D., Harris, D.J., Freitas, S.N., Perera A., and Bohme, W., 2012. Inferring the effects of past climate fluctuations on the distribution pattern of *Iranolacerta* (Reptila, Lacertidae): Evidence from mitochondrial DNA and species distribution models. *Zoologischer Anzeiger*, PP: 1- 8.
- 10- Akbarirad, S., Darvish, J., and Aliabadian, M., 2016. Phylogeography of *Calomyscus elburzensis* (Calomyscidae, Rodentia) around the Central Iranian Desert with Description of a New subspecies in center of Iranian Plateau. *Journal of Sciences, Islamic Republic of Iran* 27(1), PP: 5 – 21.
- 11- Aliabadian, M., Kaboli, M., Prodon, R., Nijman, V., and Vences, M., 2007. Phylogeny of Palearctic wheatears (genus *Oenanthe*) congruence between morphometric and molecular data. *Molecular Phylogenetic and Evolution* 42, PP: 665–675.
- 12- Bannikova, A., Sheftel, A., Lebedev, B.I., Aleksandrov, V.S., Yu, D., and Muehlenberg, M., 2009. *Crocidura shantungensis*, a New

- Species for Mongolia and Buryatia. Doklady Biological Sciences, 2009, Vol. 424, PP: 68–71.
- 13- Boursot, P., Din, W., Anand, R., Darviche, D., Dod, B., Von Deimling, F., Talwar, G.P., Bonhomme, F., 1996. Origin and radiation of the house mouse: mitochondrial DNA phylogeny. *Journal of Evolutionary Biology*. 9 (4), PP: 391-415.
 - 14- Bruford, M.W., Hanotte, O., Brokfield J.F.Y., and Burke, T., 1992. Single-locus and multilocus DNA fingerprinting. In: A.R. Hoelzel (eds.), *Molecular genetic analysis of populations, a practical approach*. Oxford University Press, New York. PP: 225 – 269.
 - 15- Darvish, J., Mohammadi, Z., Ghorbani, F., Mahmoudi, A., and Dubey, S., 2015. Phylogenetic Relationships of *Apodemus* Kaup, 1829 (Rodentia: Muridae) Species in the Eastern Mediterranean Inferred From Mitochondrial DNA, with Emphasis on Iranian Species. *Journal of Mammalogy Evolution*, Published Online. DOI10.1007/s10914-015-9294-9.
 - 16- Dianat, M., Darvish, J., Cornette, R., Aliabadian, M., and Violaine, N., 2017. Evolutionary history of the Persian Jird, *Meriones persicus*, based on genetics, species distribution modeling and morphometric data. Accept on 20 July 2016. *Journal of Zoology Systematic Evolution Research* doi: 10.1111/jzs.12145
 - 17- Dianat M., Darvish J., Aliabadian M., Haddadian H. 2016. Integrative taxonomy of *Meriones persicus* (Rodentia, Gerbillinae) in Iran. *Iranian Journal of Animal Biosystematics* 12 (1), online at: <http://ijab.um.ac.ir/index.php/biosys/article/view/55424>.
 - 18- Dubey, S., Cosson, J.F., Magnou, E., Vohralik, V., Benda, P., Frynta, D., Hutterer, R., Vogel, V., and Vogel, P., 2007. Mediterranean populations of the lesser white-toothed shrew (*Crocidura suaveolens* group): an unexpected puzzle of Pleistocene survivors and prehistoric introductions. *Molecular Ecology* 16, PP: 3438–3452.
 - 19- Excoffier, L., Laval, G., and Schneider, S., 2005. Arlequin ver. 3.5.2: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*. 1, PP: 47-50.
 - 20- Haddadian, S.H.H., Darvish, J., Rastegar Pouyani, E., and Mahmoudi, A., 2016. Subspecies differentiation of the house mouse *Mus musculus* Linnaeus, 1758 in the center and east of the Iranian plateau and Afghanistan. *mammalia*, 2015 (Online). DOI 10.1515/mammalia-2015-0041.
 - 21- Hall, T.A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Research*, 41. PP: 95-98.
 - 22- Hammer, Harper, D.A.T. and Ryan, P. D. 2001. PAST: Paleontological Statistics Software package for education and data analysis . *Paleontologia Electronica* 4(1): 9 pp.
 - 23- Hays, J.D., Imbrie, J., Shackleton, N.J., 1996. Variations in the Earth's orbit: pacemaker of the ice ages. *Science*, 194, PP: 1121-1123
 - 24- Hewitt, G., 1999. Post-glacial re-colonization of European biota. *Biol J Linn Soc*. 68, PP: 87–112.
 - 25- Hewitt, G., 2000. The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature* 405, PP: 907-913.
 - 26- Kehl, M., 2009. Quaternary climate change in Iran-the state of knowledge. *Erdkunde*, 63, PP: 1-17.
 - 27- Macey, R., Schulte, J., Kami, H.G., Ananjeva, N., Larson, A., and Papenfuss, T., 2000. Testing hypotheses of vicariance in the agamid lizard *Laudakia caucasia* from Mountain ranges on the northern Iranian Plateau. *Molecular Phylogenetics and Evolution* Vol.14, No.3, March, PP: 479–483.
 - 28- Manni, F., Guérard, E., and Heyer, E., 2004. Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by “Monmonier's algorithm”. *Human Biology*, 76(2), PP: 173-190.
 - 29- Misonne, X., 1959. *Analysis zoogeographique des mammifères de l' Iran*. *Memoires de l'Institut Royal des Sciences Naturelles de Belgique, Deuxieme Serie* 59, PP: 1–157.
 - 30- Montgelard, C., Bentz, S., Tirard, C., Verneau, O., and Catzeflis, F.M., 2002. Molecular systematic of Sciurognathi (Rodentia): the mitochondrial cytochrome b and 12S rRNA genes support the Anomaluroidae (Peptidae and Anomaluridae). *Molecular Phylogeny and Evolution*, 22, PP: 220 – 233.
 - 31- Rajabi-Maham, H., Orth, A., and Bonhomme, F., 2008. Phylogeography and postglacial expansion of *Mus musculus domesticus* inferred from mitochondrial DNA coalescent, from Iran to Europe *Molecular Ecology*. 17, PP: 627–641.
 - 32- Rajaei, H., Dennis Rödder, S., Alexander, H., Weigand, M., Johannes Dambach Michael, J., Raupach, Wolfgang Wägele., J., 2013. Quaternary refugia in southwestern Iran: insights from two sympatric moth species (Insecta, Lepidoptera). *Org Diver Evol* 13, PP: 409- 423.
 - 33- Roy, K., Valentine, J.W., Jablonski, D., and Kidwell, S.M., 1996. Scales of climatic variability and time averaging in Pleistocene

- biotas: implications for ecology and Evolution. Trends in Ecology and Evolution, 11, PP: 458-453.
- 34- Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust Saucy, A., and Cosson, J.F., 1998. Comparative phylogeography and post glacial colonization routes in Europe. Molecular Ecology, 7, PP: 453-464.
- 35- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S., 2011. MEGA5: molecular Evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Molecular Biology Evolution. 28, PP: 2731-2739.
- 36- Webb, T., and Bartlein, P.J., 1992. Global changes during the last 3 million years: climatic controls and biotic response. Annual Review of Ecology and systematic, 23, PP: 141- 173.

Different distributional patterns in some small mammals in the Central Iran inferred from mtDNA markers

Haddadian Shad H.^{1,3}, Darvish J.^{1,2} and Rastegar Pouyani E.³

¹Biology Dept., Faculty of Sciences, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, I.R. of Iran

²Rodentology Research Dept., Institute of Applied Zoology, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, I.R. of Iran

³Biology Dept., Hakim Sabzevari University, Sabzevar, I.R. of Iran

Abstract

Quaternary climatic oscillations have influenced the species and forced them to habit in safe localities called refuges. Long time isolation has been resulted in genetic divergence that could be distinguished by phylogeographic studies. Geographic distributional patterns compared in six species using mtDNA markers in different localities mainly the Central Iran. Barrier software applied to reveal genetic barriers and probable corridors. Comparison of geographic distributional patterns indicates incongruent models in these species that is one of features of refuge localities. It seems that each species has responded to climatic fluctuations in different ways. At the end, genetic barriers and probable corridors have investigated in the Central Iran.

Key words: Barrier, Central Iran, Corridor, Geographic distribution, Mammals, Refuge.