

بررسی فیلوجغرافیایی موش مقدونیه (*Mus macedonicus* Petrov & Ruzic, 1983) در

شمال غرب ایران

حسن رجبی مهام* و وحید عزیزی

تهران، دانشگاه شهید بهشتی، دانشکده علوم زیستی، گروه علوم جانوری

تاریخ پذیرش: ۹۰/۹/۱

تاریخ دریافت: ۸۹/۶/۲

چکیده

محدوده گسترش جغرافیایی، ژنتیک و جغرافیای تکاملی جمعیتها از نظر منشأ و همچنین نحوه مهاجرت و کلونیزاسیون گونه *Mus macedonicus* Petrov & Ruzic, 1983 در شرقی ترین قلمرو این گونه، در ایران، بررسی شد. در این مطالعه تعداد ۲۲ موش مقدونیه دم کوتاه از استانهای همدان، آذربایجان شرقی و غربی مطالعه شد. بررسی ترادف ژنوم میتوکندری در ناحیه D-Loop نشان داد که ایران آخرین محدوده شرقی قلمرو این جانور است و جمعیت موشهای مقدونیه دم کوتاه در آن کمی ایزوله به نظر می رسد. تعداد ۱۷ هاپلوتیپ جدید به وسیله این پژوهش شناسایی و معرفی شدند. مقدار Tajima D و Fu's Fs مشاهده شده تفاوت معنی داری با مقدار مورد انتظار نشان نداد که نمایانگر رشد اخیر این جمعیتها و در تعادل نبودن روندهای جهش/رانس ژنتیکی می باشد. تنوع هاپلوتیپی پایین و موقعیت انتهایی جمعیتهای ایران بر روی درخت فیلوژئوگرافی علاوه بر تأیید نتایج مطالعات پیشین در مورد نحوه گسترش این گونه در ایران و کشورهای همسایه غربی نکاتی را آشکار ساخت.

واژه های کلیدی: جغرافیای تکاملی، D-Loop، موش مقدونیه *Mus macedonicus*

* نویسنده مسئول، تلفن: ۲۹۹۰۲۷۲۵، پست الکترونیکی: hrmaham@gmail.com

مقدمه

بایستی با در نظر گرفتن این موضوع اساسی انجام شود (۴)، (۷ و ۱۲).

موش دم کوتاه مقدونیه (*Mus Petrov and Ruzic, 1982 macedonicus*) گونه ای از موشهای آزاد زی است که به ندرت به انسان نزدیک شده و اقدام به همزیستی با انسان می کند. این چونده بیشتر در مزارع، باغات و حومه شهرها دیده شده و با آسیب زدن به زمینها و محصولات کشاورزی به عنوان یک آفت مهم به شمار میرود. گسترش جغرافیایی این گونه به صورت پراکنده از اروپای غربی و اطراف کوههای آلپ گزارش شده ولی گسترش اصلی آن مربوط به جنوب شرق اروپا و خاور نزدیک است به طوری که به وسیله کوههای بالکان و دریای مدیترانه از غرب، کوههای قفقاز از شمال و صحراهای عربستان از

استفاده از داده های مولکولی برای مطالعه نحوه پیدایش، گسترش و فرآیند رشد - کاهش اندازه یا حجم جمعیتها در سالهای اخیر از اهمیت ویژه ای برخوردار شده و به صورت یک روش معتبر و مفید مطرح شده است (۷ و ۹). در مورد گونه ها یا زیرگونه هایی که میانگین عمر آنها از شروع پیدایش یا زمان حضور آنها در نیمکره شمالی کره زمین بیش از حدود ۲۰۰۰۰ سال تخمین زده می شود، این نوع مطالعات از اهمیت و حساسیت بیشتری برخوردار است، چرا که دوره های مختلف حداکثر یخبندان جهانی و دوره های بین یخبندان بدون شک بر روی سرنوشت موجود مورد مطالعه تأثیر چشمگیر و مؤثری داشته و تخمین زمان پیدایش، یافتن مکان پناهگاههای (Refuges) موجود و درک راهها و مسیرهای مهاجرت بدون شک

کامل جانور با روش کلاسیک بهینه شده فنل- کلروفرم استخراج شد (۱۲) و از نظر کیفیت و غلظت به وسیله الکتروفورز با ژل آگارز ۱/۵ درصد بررسی شد. ناحیه D-Loop از ژنوم میتوکندری به اندازه ۸۵۶ نوکلئوتید از نوکلئوتید ۱۵۴۳۰ تا ۱۶۲۸۶ به وسیله پرایمرهای استفاده شده در مطالعه (۱۲) با استفاده از مقدار ۵۰-۴۰ نانوگرم از DNA و حجم ۳۰ میکرولیتر از محلول PCR متشکل از: ۱/۵ میلی مولار $MgCl_2$ ، ۲ میلی مولار dNTP و مقدار ۱/۵ میکرومولار از هر کدام از پرایمرها و مقدار ۰/۳ میکرولیتر آنزیم Taq پلیمرز (۵ U/μl) تکثیر شد. شرایط دما و مدت زمان تکثیر عبارتند از: مدت ۵ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد برای شروع و ۳۵ سیکل شامل ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۵۶ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۱ دقیقه و در نهایت ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه به عنوان مرحله پایانی در نظر گرفته شد. محصول به دست آمده از PCR به وسیله آنزیم EXO-SAP تخلیص شد و جهت انجام سکانس و تعیین ترادف به مؤسسه کوثر دانش ارسال شد. در مطالعه حاضر تعداد ۱۷ هاپلوتیپ جدید از سه استان مورد مطالعه برای اولین بار شناسایی و گزارش شدند که در NCBI با شماره های HM235682 تا HM235698 ثبت شدند.

مرتب کردن ترادف نوکلئوتیدی و آنالیز داده ها: سکانسهای انجام شده به وسیله CLUSTAL W که در برنامه نرم افزاری Mega 5 (۱۵) تعبیه شده است، انجام شد و بررسی و مرتب کردن نهایی به صورت دستی انجام شد. برای در نظر گرفتن تأثیر مناطق اشباع شده احتمالی و مناطق حفاظت شده در ژنوم میتوکندری بهترین مدل استفاده شده که به وسیله نرم افزار Modeltest (۱۰) تعیین شده بود به صورت TVM+I+G در نظر گرفته شد. تنوع نوکلئوتیدی p ، هاپلوتیپی h به وسیله نرم افزار 4 DNASP (۱۳) تعیین شد. آزمون عدم انطباق یا Mismatch و همچنین آنالیز AMOVA برای بررسی ساختار جمعیتها به وسیله نرم افزار

جنوب محدود شده است. گسترش آن به سمت شرق تا زاگرس و حتی در استان قزوین گزارش شده است (۱) و (۶) ولی محدوده شرقی آن بخوبی مشخص نیست (۵، ۷ و ۹). اخیراً مطالعات مولکولی اندکی بر روی این گونه انجام شده و نتایج نشان دهنده وجود حداقل دو زیرگونه از این جانور است:

یکی *M. macedonicus spretoides* است که به وسیله Orth و همکاران در ۲۰۰۲ در محدوده شرق مدیترانه گزارش شد و دیگری ما بقی محدوده گسترش این گونه است که به وسیله محققین مذکور *M. macedonicus macedonicus* خوانده شد (۹). این محققین (۷ و ۹) پیشنهاد کردند که احتمالاً دو پناهگاه متفاوت برای این گونه در غرب گرجستان یا در شرق آذربایجان وجود داشته و پس از آخرین یخبندان جهانی از این نواحی گونه شروع به کلونیزاسیون مناطق مختلف کرده و قلمرو امروزه را در اختیار گرفته است. این مطالعه با افزودن تعدادی نمونه از منتهی الیه شرقی قلمرو این گونه یعنی مناطق غربی ایران سعی دارد که محدوده گسترش به سمت شرق به وسیله این گونه را مشخص کند و در مورد صحت نظریه محققین پیشین در مورد منشأ کلونیزاسیون و پناهگاهها بررسی بیشتری انجام دهد.

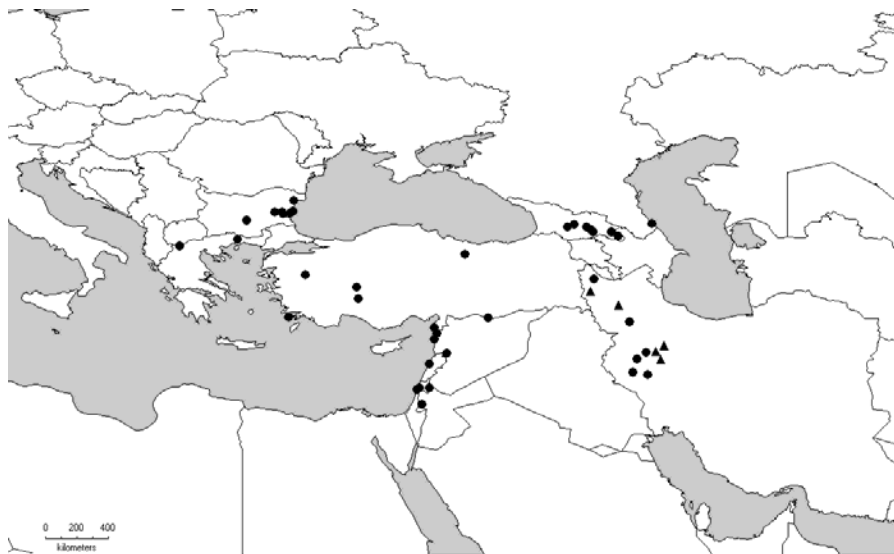
مواد و روشها

نمونه ها: تعداد ۲۲ نمونه موش مقدونیه یا *Mus macedonicus* از استانهای همدان، آذربایجان شرقی و آذربایجان غربی به وسیله تله شکار شدند و پس از تشریح مقداری از کبد و لوزالمعده آنها در لوله های ۲ سی سی و بقیه لاشه در ظروف جداگانه در داخل الکل ۷۰ درصد قرار داده و به آزمایشگاه جهت مطالعه منتقل شدند. محل، موقعیت جغرافیایی و تعداد نمونه ها از هر منطقه در شکل ۱ و جدول ۱ نشان داده شده است.

PCR و تعیین ترادف: از کبد نمونه های داخل الکل ژنوم

دادن چند نمونه از *Mus musculus domesticus* و *Mus musculus gentilulus* و *Mus musculus musculus* به عنوان گروه Outgroups ترسیم شد.

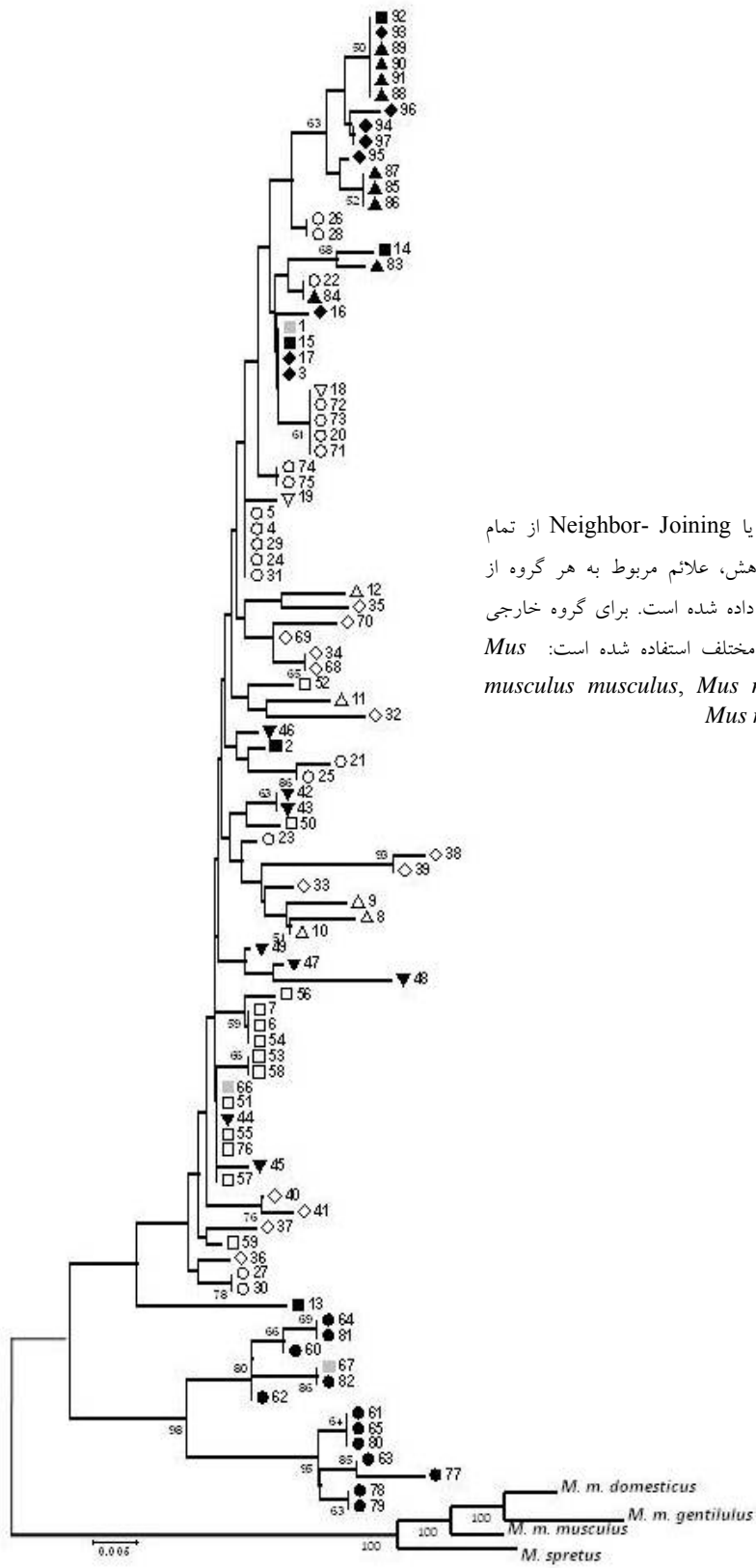
Arlequin 3 (۲) با در نظر گرفتن گاما برابر ۰/۰۵ و پارامتر Kimura 2 انجام شد. درخت فیلوژنتیکی پیوند همجواری (Neighbor-Joining) نیز به وسیله برنامه Mega 5 با قرار



شکل ۱- نقشه مناطق نمونه برداری در این پژوهش و نمونه‌های برگرفته از بانک ژنی مربوط به منابع ذکر شده در جدول ۱. علائم به شکل مثلث نمایانگر نمونه‌های اختصاصی این پژوهش و علائم به شکل دایره مربوط به داده‌های بانک ژنی است.

جدول ۱- جزئیات مربوط به نمونه‌های گونه *Mus macedonicus* مربوط به این پژوهش و داده‌های گرفته شده از بانک ژنی که در این پژوهش مورد بررسی قرار گرفته‌اند به همراه اطلاعات مربوط به محل صید، تعداد، طول و عرض جغرافیایی محل صید (اطلاعات طول و عرض جغرافیایی برای داده‌های بانک ژنی در مطالعات ذکر شده قابل دسترسی است).

شماره	استان	شهر	تعداد نمونه	مطالعه	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی
۱	همدان	همدان	۴	این پژوهش	۴۸° ۳۰'	۳۴° ۴۸'
۲	همدان	فامنین	۸	این پژوهش	۴۹°	۳۵° ۶'
۳	همدان	ملایر	۴	این پژوهش	۴۸° ۴۸'	۳۴° ۱۸'
۴	آذربایجان شرقی	مراغه	۲	این پژوهش	۴۶° ۲۴'	۳۷° ۲۶'
۵	آذربایجان غربی	سلماس	۴	این پژوهش	۴۴° ۴۷'	۳۸° ۱۲'
۶	گرجستان		۲۳	Macholan et al. ۲۰۰۷ & Orth et al. ۲۰۰۲		
۷	بلغارستان		۱۹	Macholan et al. ۲۰۰۷		
۸	سوریه		۵	Macholan et al. ۲۰۰۷		
۹	روسیه		۲	Macholan et al. ۲۰۰۷		
۱۰	ترکیه		۱۳	Macholan et al. ۲۰۰۷		
۱۱	یونان		۹	Macholan et al. ۲۰۰۷		
۱۲	اسرائیل		۱۱	Orth et al. ۲۰۰۲		
۱۳	لبنان		۲	Macholan et al. ۲۰۰۷ & Orth et al. ۲۰۰۲		
۱۴	ایران		۱۵	Macholan et al. ۲۰۰۷ & Gunduz et al. ۲۰۰۰		



شکل ۲ - درخت پیوند همجواری یا Neighbor- Joining از تمام هاپلوتیپهای مطالعه شده در این پژوهش، علائم مربوط به هر گروه از هاپلوتیپها در کادر پیوست زیر نشان داده شده است. برای گروه خارجی (Outgroup) از چهار نمونه گونه مختلف استفاده شده است: *Mus musculus musculus*, *Mus musculus domesticus*, *Mus musculus gentilulus* و *spretus*

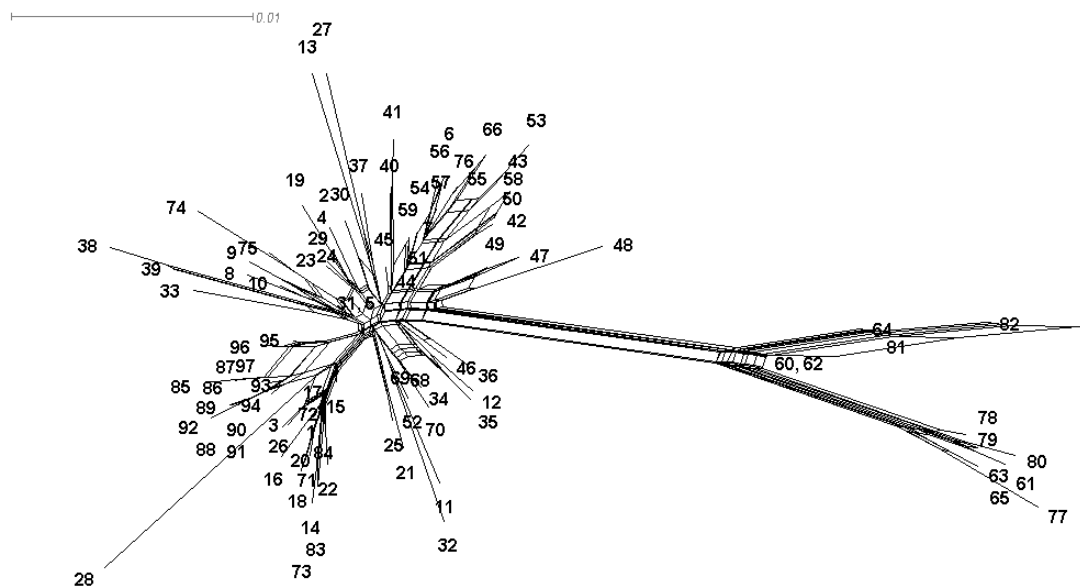
جدول ۲- نمایانگر جمعیتها، تنوع ژنتیکی، تعداد نمونه برای هر یک از جمعیت‌های مطالعه شده، تنوع نوکلئوتیدی، تعداد متوسط تفاوت نوکلئوتیدی در صد نوکلئوتید، Tajima D و Fu's Fs.

جمعیت	تعداد نمونه	H	Pi (*۱۰۰)	K	Tajima D	Tajima pvalue	Fu's Fs	Fu's p value
Georgia	۲۳	۰/۹۸۴۲	۰/۸۶۴	۶/۴۸۸۷۲۲	-۱/۳۶۴	۰/۰۵۹	-۹/۵۵۱	۰/۰۰۱
Bulgaria	۱۹	۰/۹۳۵۷	۰/۴۵۵۳	۳/۳۹۶۸۵۶	-۱/۳۸۸	۰/۰۵۴	۳/۳۷۲	۰/۹۱۹
Syria	۵	۱	۰/۹۸۶	۶/۳۰۰۳۰۲	-۰/۱۶۳	۰/۵۶۲	-۰/۷۳۳	۰/۲۰۱
Russia	۲	۱	۱۸۵۵۴۵	۹/۲۶۸۵۳	۰	۱	۲/۴۸۵	۰/۵۶۶
Turkey	۱۳	۱	۱/۱۳۲۲	۷/۲۳۴۶۳۳	-۰/۵۴۸	۰/۳۰۹	-۶/۹۴۸	۰
Greek	۹	۰/۹۷۲۲	۰/۷۳۵۷	۵/۴۸۸۳۲۱	-۰/۱۳۸	۰/۴۷۴	-۱/۸۷۴	۰/۱۱۴
Lebanon	۲	۱	۱۷۴۰۰۱۷	۱۲/۴۳۱۲۴۴	۰	۱	۲/۴۸۵	۰/۵۶۷
Israel	۱۱	۱	۱۵۹۱۳۶۴	۱۲/۱۶۰۵۹۷	۰/۳۸۷	۰/۶۹۱	۰/۳۱۷	۰/۳۷۹
Iran_W	۱۴	۱	۰/۵۲۴۶	۴/۵۱۱۷۹۲	۱/۰۹۲	۰/۸۸۴	-۹/۹۶۴	۰
Iran_SW	۱۰	۰/۷۵۵۶	۰/۶۱۶۱	۴/۶۰۲۴۹۶	-۰/۹۳۷	۰/۱۸۸	۱/۵۵۷	۰/۷۶۲
Iran_NW	۱۳	۰/۸۷۱۸	۰/۶۲۷۴	۴/۷۱۸۱۴۹	۱/۱۹۲	۰/۹۰۷	-۰/۵۱۳	۰/۳۸۸

D و Fu's مربوط به روش Fu هیچ کدام در سطح $P < 0/05$ معنی دار نبودند. همان‌طور که در جدول ۲ دیده می‌شود برای مطالعات جمعیتی نمونه‌های ایران ناچار به گروه بندی آنها شده به طوری که نمونه‌های استان همدان و کرمانشاه تحت عنوان Iran_W و نمونه‌های آذربایجان شرقی و غربی تحت عنوان Iran_NW و نمونه‌های استان خوزستان که تماماً از GENBANK گرفته شده‌اند، تحت عنوان Iran_SW نام‌گذاری شده‌اند.

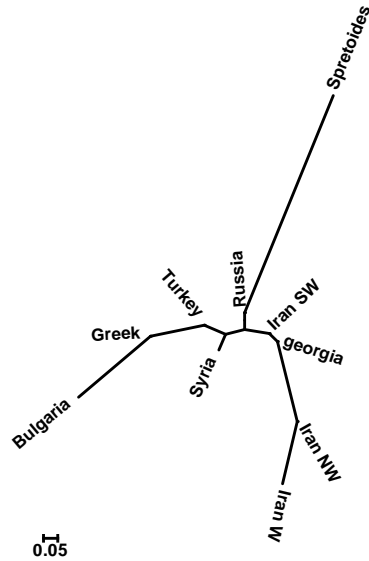
نتایج

تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مورد مطالعه در این تحقیق پایین است به طوری که بیشترین تنوع در جمعیت‌های ایرانی مربوط به ملایر و کمترین تنوع مربوط به جمعیت مراغه می‌باشد. تنوع نوکلئوتیدی، پارامتر Tajima D (۱۴) و Fu's مربوط به روش Fu (۳) در جدول ۲ نشان داده شده است. بیشترین و کمترین تنوع نوکلئوتیدی به ترتیب مربوط به جمعیت‌های لبنان و بلغارستان می‌باشد و پارامترهای Tajima



شکل ۳- شبکه هاپلوتیپ‌های مطالعه شده که به صورت یک درخت پیوند همجاری یا Neighbor-Joining بدون ریشه رسم شده است. خط‌های عرضی وصل‌کننده شاخه هاپلوتیپ‌ها به‌همدیگر نشان‌دهنده هم‌پلازی محدود بین هاپلوتیپ‌ها است.

است ولی نسبت به جنودگانی مثل موش خانگی هوموپلازی مربوط به DNA میتوکندری در موش مقدونیه تقریباً کمتر است.



شکل ۴ - درخت فیلوژنوگرافی Neighbor-Joining که با استفاده از فاصله ژنتیکی $\Phi_{SI} / (1 - \Phi_{SI})$ رسم شده است. نوشته‌های روی درخت هر کدام نشان دهنده جمعیت مورد مطالعه است که فاصله ژنتیکی آنها با دیگر جمعیتها به صورت طول شاخه نشان داده شده است. سه شاخه عمده در روی این درخت دیده می‌شود که توضیح آنها در متن آمده است.

درخت فیلوژنوگرافی (شکل ۴) نشان دهنده سه شاخه مختلف است که شاخه اول آن همان است که به زیرگونه *spretooides* ختم می‌شود. شاخه دوم شامل نمونه‌های گرجستان و ایران است که سه منطقه مطالعه شده از ایران هر سه بر روی این شاخه قرار دارند. شاخه سوم شامل نمونه‌های کشورهای خاور نزدیک و اروپای شرقی است. بهترین مدل تکاملی به دست آمده با استفاده از Modeltest مدل TVM+I+G بود که در آن Rates=gamma، Pinvar=0.7235 و Shape=0.8225 بود که نشان دهنده تبعیت این داده‌ها از مدل تکاملی است.

بحث

تنوع ژنتیکی پایین، موقعیت انتهایی بر روی درخت

داده‌های به دست آمده از آنالیز MMD (Mismatch Distribution) نشان دهنده دو موج متفاوت در توزیع عدم انطباق بود که نمایانگر وجود دو سویه مهم و متفاوت در این گونه است؛ به طوری که یک موج بزرگتر مربوط به سویه اصلی *Mus macedonicus* و موج دوم مربوط به سویه متفاوتی از این گونه است که در فلسطین اشغالی و لبنان زندگی می‌کند و به وسیله Orth و همکارانش (۹) *Mus macedonicus spretooides* نامیده شد. درخت فیلوژنی در شکل ۲ و شبکه هاپلوتیپی در شکل ۳ این گفته را کاملاً تأیید می‌کند. موقعیت انتهایی جمعیت‌های این زیرگونه در روی درخت فیلوژنوگرافی در شکل ۴ نیز این گفته را تأیید و بر درستی نتایج به دست آمده از مطالعات قبلی نیز صحت می‌گذارد. در درخت Neighbor-Joining شکل ۲ ملاحظه می‌شود که تمام هاپلوتیپ‌های شمال غرب ایران روی یک شاخه قرار گرفته و نسبتاً مونوفیلیک هستند. تعدادی از نمونه‌های غرب و جنوب غربی ایران مربوط به مطالعات پیشین در جاهای مختلفی از درخت پراکنده اند. در این شکل شاخه مربوط به سویه *Mus macedonicus spretooides* کاملاً جدای از دیگر هاپلوتیپ‌ها و با ارزش بوت استراپ بالا قرار دارد. شاخه فوقانی درخت را که می‌توان شاخه هاپلوتیپ‌های ایران نامید در بر دارنده تقریباً تمام هاپلوتیپ‌های ایران است و علاوه بر آن می‌توان تعدادی از هاپلوتیپ‌های گرجستان و یک هاپلوتیپ از روسیه را در آن ملاحظه کرد. هاپلوتیپ‌های دیگر کشورها از پراکندگی قانون مندی بر روی درخت پیروی نمی‌کنند و به صورت پراکنده در شاخه‌های مختلف درخت دیده می‌شوند. به عنوان مثال هاپلوتیپ‌های مربوط به گرجستان در روی تمام شاخه‌ها پراکنده هستند. شکل ۳ نشان دهنده یک درخت بدون ریشه است که صرفاً برای مشاهده ارتباط جایگزینی نوکلئوتیدها نزد هاپلوتیپ‌های مختلف استفاده شده در این پژوهش رسم شده است. این درخت نشان می‌دهد که در نمونه‌های مطالعه شده مقداری هوموپلازی قابل مشاهده

فیلوژئوگرافی و مونوفیلیتیک بودن نمونه‌ها بر روی درخت NJ همگی بیانگر این مطلب است که نمونه‌های مربوط به ایران مربوط به جمعیت‌های انتهایی قلمرو موش مقدونیه است و ایران در منتهی‌الیه شرقی پراکنش این جانوران قرار دارد. مطالعات قبلی این مطلب را پیشنهاد کرده‌اند که با این پژوهش این مطلب بیشتر تأیید شده و مورد تأکید قرار می‌گیرد. هاپلوتیپ‌های مربوط به گرجستان که تقریباً در تمام طول درخت NJ پراکنده هستند، بر روی درخت‌های فیلوژئوگرافی و درخت بدون ریشه شبکه هاپلوتیپی نیز جمعیت آنها نسبتاً در موقعیت مرکزی درخت قرار دارد، بنابراین این جمعیت یا یک جمعیت اجدادی است و یا اینکه جمعیتی است که از یک گروه اجدادی نزدیک مشتق شده است. با نگاه به درخت فیلوژئوگرافی متوجه سه شاخه اصلی در آن شده که در مرکز به هم می‌رسند جمعیت‌های مرکزی مربوط به کشورهای حاشیه دریای سیاه است که نشان‌دهنده گروه جمعیت‌های اجدادی می‌باشد. از این گروه مرکزی یک شاخه به سمت ساحل شرقی دریای مدیترانه می‌رود که در لبنان و فلسطین اشغالی زیرگونه *spretoides* را در این مناطق ایجاد کرده و از زیرگونه دیگر موش دم کوتاه در این مناطق خبری نیست. شاخه دیگر این درخت دربرگیرنده نمونه‌های اروپای جنوب شرقی است که نشان‌دهنده کلونی شدن محدود این نواحی به وسیله این جانور می‌باشد. شاخه سوم مربوط به جمعیت‌های ایرانی این گونه است که شامل شمال غرب، غرب و جنوب غرب می‌باشد و ترتیب جمعیت‌های هاپلوتیپی ایرانی بر روی درخت به طوری است که نشان می‌دهد احتمالاً این گونه از طریق ترکیه و غرب وارد ایران شده است و نه از طریق شمال (آذربایجان و ارمنستان). تعداد کم هاپلوتیپ‌های مشترک بین گروه‌ها و همچنین کم بودن هوموپلازی در میان این هاپلوتیپ‌ها از یک سو می‌تواند نشان‌دهنده وجود ساختار در جمعیت‌ها و جدایی نسبی آنها و کم بودن میزان مهاجرت بین آنها باشد ولی از طرف دیگر می‌تواند این نتایج مربوط به ناقص

بودن نمونه برداری از مناطق مطالعه شده باشد (۸). کلاد هاپلوتیپ‌های ایران تا حدودی مشخص و در بالای درخت NJ و همچنین شبکه هاپلوتیپی به وضوح قابل تمایز از جمعیت‌های دیگر است و با داشتن تعداد موتاسیون بیشتر یک گروه مشتق شده تری به نظر می‌آید که احتمالاً به خاطر عدم اختلاط بین این سه جمعیت ایرانی با جمعیت‌های دیگر و همچنین قرارگیری آنها در منتهی‌الیه قلمرو این گونه می‌باشد. هاپلوتیپ ۱۳ و ۲ از جنوب غربی ایران در روی درخت NJ جدای از دیگر هاپلوتیپ‌های ایرانی و در کنار هاپلوتیپ‌های دیگر کشورها قرار گرفته است و شاید به همین دلیل است که جمعیت جنوب غرب ایران در روی درخت فیلوژئوگرافی به مرکز این درخت نزدیک است و در کنار گروه اجدادی قرار گرفته است. دلیل این ناهماهنگی جغرافیایی به احتمال زیاد می‌تواند به خاطر دروازه واردات بودن منطقه جنوب غرب باشد و احتمالاً تعدادی از هاپلوتیپ‌های این منطقه با واردات مواد غذایی از اروپا وارد این مناطق شده‌اند. مورد کاملاً مشابه در مطالعه رجبی مهمام و همکارانش در ۲۰۰۸ (۱۲) بر روی موش خانگی گزارش شده است که در آن تعدادی هاپلوتیپ *castaneus* در غرب زاگرس دیده شد که دلیل آن هم ورود این زیرگونه در اثر واردات مواد غذایی از اروپا بیان شده است. وضعیت هم‌جایی گونه‌های موش دم کوتاه و موش خانگی از ایران گرفته تا اروپای غربی کمی پیچیده است و انسان در گسترش موش دم کوتاه نقش مؤثری مانند آنچه در مورد موش خانگی ذکر می‌شود، نداشته است (۱۱) زیرا که موش دم کوتاه زندگی وحشی دارد و همزیستی مسالمت‌آمیزی که موش خانگی با انسان دارد در این گونه دیده نمی‌شود. این گونه اکثراً در مزارع، باغات و حاشیه شهرها زندگی می‌کند و به ندرت وارد مناطق شهری می‌شود. به همین دلیل نیز ساختار جمعیتی بین جمعیت‌های موش دم کوتاه بیشتر حفظ شده است و اختلاط هاپلوتیپی که در موش‌های خانگی و

این تحقیق از طریق یک پروژه داخلی مصوب معاونت پژوهشی دانشگاه شهید بهشتی تأمین اعتبار مالی شده است. از تمام کسانی که در نمونه برداری و انجام این تحقیق یاری رسانده اند قدردانی می‌شود.

رتها دیده شده واکثراً آن جمعیتها فاقد ساختار محکمی هستند، در این گروه کمتر است.

سپاسگزاری

منابع

۱. Muridae, Rodentia) 1766 علوم دانشگاه تهران، ۲۱، ۱، ۹-۱
2. Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S. (2005) Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1, 47-50.
3. Fu, Y.-X. (1997) Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147, 913-925.
4. Goios, A., Pereira, L., Bogue, M., Macaulay, V. and Amorim, A. (2007) mtDNA phylogeny and evolution of laboratory mouse strains. *Genome Research*, 17, 293-298.
5. Gündüz, I., Auffray, J.-C., Britton-Davidian, J., Catalan, J., Ganem, G., Ramalinho, M.G., Mathias, M.L. and Searle, J.B. (2001) Molecular studies on the colonization of the Madeiran archipelago by house mice. *Molecular Ecology*, 10, 2023-2029.
6. Gunduz, I., Tez, C., Malikov, V., Vaziri, A., Polyakov, A.V. and Searle, J.B. (2000) Mitochondrial DNA and chromosomal studies of wild mice (*Mus*) from Turkey and Iran. *Heredity*, 84 (Pt 4), 458-467.
7. Macholan, M., Vyskocilova, M., Bonhomme, F., Krystufek, B., Orth, A. and Vohralik, V. (2007) Genetic variation and phylogeography of free-living mouse species (genus *Mus*) in the Balkans and the Middle East. *Molecular Ecology*, 16, 4774-4788.
8. Melo-Ferreira, J., Boursot, P., Randi, E., Kryukov, A., Suchentrunk, F., Ferrand, N. and Alves, P.C. (2007) The rise and fall of the mountain hare (*Lepus timidus*) during Pleistocene glaciations: expansion and retreat with hybridization in the Iberian Peninsula. *Molecular Ecology*, 16, 605-618.
9. Orth, A., Auffray, J.C. and Bonhomme, F. (2002) Two deeply divergent mitochondrial clades in the wild mouse *Mus macedonicus* reveal multiple glacial refuges south of Caucasus. *Heredity*, 89, 353-357.
10. Posada, D. and Crandall, K. (1998) MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics*, 14, 817-818.
11. Prager, E.M., Orrego, C. and Sage, R.D. (1998) Genetic variation and phylogeography of central Asian and other house mice, including a major new mitochondrial lineage in Yemen. *Genetics*, 150, 835-861.
12. 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, 627-641.
13. Rozas, J., Sanchez-DelBarrio, J.C., Messeguer, X. and Rozas, R. (2003) DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19, 2496-2497.
14. Tajima, F. (1989) Statistical-Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics*, 123, 585-595.
15. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M. and Kumar, S. (2011) MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Mol. Biol. Evol.* 28(10): 2731-2739.

Phylogeographical study of short-tailed mouse species (*Mus macedonicus* Petrov & Ruzic, 1983) in North West of Iran

Rajabi-Maham H. and Azizi V.

Animal Biology Dept., Faculty of Biological Sciences, Shahid-Beheshti University, Tehran, I.R. of Iran

Abstract

Geographic distribution, population genetic and population situation of *Mus macedonicus* Petrov & Ruzic, 1983 species were investigated in term of origin, migration and colonisation in eastern distribution limits, in Iran. Twenty-two samples from Hamadan, Azarbaijan-e Sharghi and Gharbi provinces were studied. Sequence comparison from D-Loop region of mtDNA with same downloaded data from GENBANK showed that Iran is the last occupation region in the East and population of short-tailed mouse in Iran seems to be isolated. Seventeen new haplotypes were identified in this research. No significant difference was seen in estimated Tajima D and Fu's Fs values between observed and expected values representing recent population expansion and indicates that these populations are not yet at mutation/drift equilibrium. Low haplotype diversity and terminal position of Iranian populations on phylogeographic tree in our study confirms the previous studies results (Iran is the Eastern colonised region) and proposes more colonisation routes toward East by this species.

Keywords: Phylogeography, D-Loop, short-tailed mouse, *Mus macedonicus*.