مطالعهٔ تنوع ژنتیکی جمعیت‌های مختلف جکوی سنگی تیغه‌دار (*Cyrtopodion scabrum*) در مناطقی از فلات ایران

- **نسرین فیلی**: دانشگاه لرستان، خرم آباد، صندوق پستی٤٦٥
- **احمد قارزی***: دانشگاه لرستان، خرم آباد، صندوق پستی٤٦٥
- **اسکندر رستگار پویانی**: دانشگاه تربیت معلم سبزوار، سبزوار، صندوق پستی٣٩٧

تاریخ دریافت: خرداد ١٣٩١ تاریخ پذیرش: آبان ١٣٩١

چکیده

جکوی سنگی تیغه‌دار (*Cyrtopodion scabrum*) سوسماری است که به‌طور وسیع در جنوب غربی قارهٔ آسیا و شمال آفریقا پراکندگی دارد. در ایران این گونه به‌وفور در بیشتر نقاط کشور وجود داشته و معمولاً به‌عنوان مارمولک خانگی شناخته می‌شود. به منظور بررسی وجود یا عدم وجود اختلاف ژنتیکی در بین جمعیت‌های مختلف، ٤٥ نمونه از این سوسمار از ٥ استان جمع‌آوری گردید. پس از استخراج DNA، ژن سیتوکروم b ژنوم میتوکندریایی توسط PCR تکثیر و پس از توالی‌یابی، توالی‌ها با نرم‌افزار Mega 5 و PAUP آنالیز شد. یافته‌های این تحقیق نشان داد که جمعیت‌های مختلف این گونه از نظر ژن سیتوکروم b میتوکندریایی یک همگونی را نشان داده به‌طوری‌که که میانگین تفاوت در بین این نمونه‌ها بسیار ناچیز و بین صفر تا ٠/١ درصد در تغییر بود. نتایج حاکی از این است که این گونه اخیراً وارد ایران شده و جریان ژنی هنوز بین جمعیت‌های مختلف آن وجود دارد.

کلمات کلیدی: تنوع ژنتیکی، سیتوکروم b، سوسمار، واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز

*پست الکترونیکی نویسنده مسئول ahgharzi@yahoo.com

مقدمه

تغییرات آب و هوایی و تخریب اکوسیستم‌ها می‌تواند سبب قطعه قطعه کردن و از هم گسیختگی جمعیت‌هایی گردند که روزگاری به‌هم پیوسته بوده و جمعیت واحدی را تشکیل می‌دادند. این از هم گسیختگی از پتانسیل سازگاری و زنده‌مانی جمعیت می‌کاهد چرا که نه تنها اندازهٔ جمعیت را کاهش می‌دهد بلکه نرخ مهاجرت و به تبع آن جریان ژنی را در میان جمعیت‌های قبلاً به‌هم پیوسته پایین می‌آورد و نتیجهٔ این اتفاقات کاهش غنای ژنتیکی و نهایتاً آماده شدن جمعیت برای زوال می‌باشد (۱۲و ۲۰). شرایط کنونی کرهٔ زمین در مسیری قرار دارد که تنازع برای بقاء و جلوگیری از زوال چالش اصلی بسیاری از گونه‌ها به‌ویژه دوزیستان و خزندگان است (۴). با توجه به مشکل فوق و به‌منظور حفظ و حراست از گونه‌های بومی این نیاز احساس می‌شود که اطلاعاتی دربارهٔ وضعیت کنونی و چشم‌انداز این گونه‌ها کسب کرد. در این راستا یکی از بهترین راه‌ها شناخت توزیع و وضعیت پیوستگی جمعیت‌های مختلف گونه‌ها است که این امکان را فراهم می‌کند تا پیش‌بینی نمود که یک گونه چقدر این توانایی را دارد تا در زیستگاه‌های جدید ساکن شود و این نکته‌ای است که شانس زنده‌مانی یک گونه را در دراز مدت و در مقیاس تغییرات آب و هوایی جهانی مشخص خواهد کرد.

معتبرترین روش برای تعیین میزان پیوستگی جمعیت‌های یک گونه بررسی تفاوت‌های ژنتیکی بین آن‌ها است. پیشرفت‌هایی که طی یک و دو دههٔ گذشته در زمینهٔ زیست‌شناسی مولکولی صورت گرفته بسیاری از محققین محیط زیست را ترغیب کرده تا با اتکای به آن‌ها تغییرات ژنتیکی داخل و بین جمعیت‌های مختلف را ارزیابی کنند (۲۷). این روش‌ها علاوه بر این‌که اطلاعاتی از وضعیت پیوستگی گونه‌ها ارائه می‌دهند، اندازهٔ موثر یک گونه، نرخ زاد و ولد بین گونه‌ای و تاریخ تکاملی گونه را نیز مشخص می‌سازد (۲۱).

یکی از فراوان‌ترین و متنوع‌ترین گروه‌های سوسماران خانوادهٔ Gekkonidae می‌باشد که در ۱۱۶ جنس طبقه‌بندی شده و در تمامی نواحی گرمسیری و نیمه‌گرمسیری دنیا یافت می‌شوند (۲ و ۱۷). منشاء مهم‌ترین کلادهای جکونیده احتمالاً به اشتقاق ابرقارهٔ پانگهآ (Pangea) در اواخر ژوراسیک و متعاقباً قطعه قطعه شدن قارهٔ جنوبی گوندوانا (Gondwana) در طی کرتاسه و اوائل دوران سوم زمین‌شناسی برمی‌گردد (۱۵). یکی از جنس‌های خانواده جکونیده جنس *Cyrtopodion* می‌باشد، جکوهای این جنس یکی از متنوع‌ترین گروه‌های جکوهای پالئارکتیک را تشکیل می‌دهند (۲۴). جکوهای جنس *Cyrtopodion* در محیط‌های متنوع شامل صخره‌ها، درخت‌ها و ماسه‌ها، تپه‌های رسی یا صخره‌ای، یافت می‌شوند (۱۱). در ایران این جنس با ۱۳ گونه بیش‌ترین گونه‌ها را به‌خود اختصاص داده است (۱). گونهٔ *C. scabrum* یا جکوی سنگی تیغه‌دار جزء فون ساهارو- سیندین بوده که در خارج از فلات ایران منشاء گرفته است، سپس از طریق دشت‌های ساحلی خلیج فارس به ایران نفوذ و در حوزهٔ سیستان و بلوچستان تا دشت خوزستان گسترش و از طریق زاگرس در سرتاسر ایران پراکنده شده است (۲۳ و ۲۵).

با توجه به پراکندگی وسیع این گونه در ایران تحقیق حاضر انجام گرفت تا مشخص کند آیا تمام جمعیت‌های این گونه در سرتاسر حوزهٔ پراکنش از نظر ژنوم میتوکندریایی همگون هستند و یا این‌که با توجه به موانع قدیم و جدیدی که در برابر مهاجرت آن‌ها از یک نقطه به نقطهٔ دیگر وجود داشته و دارد آن‌ها در این مدت دچار از هم گسیختگی شده و جمعیت‌های مختلف این گونه ویژگی‌های ژنتیکی متفاوتی را بین خود نشان می‌دهند.

مواد و روش‌ها

به‌منظور مطالعهٔ ژنتیکی تعداد ۴۵ نمونه از جکوی *C. scabrum* از ۵ استان کشور شامل ایلام (مهران، ایلام، دهلران، آبدانان، دره‌شهر)، خوزستان (مسجد سلیمان و خرمشهر)، بوشهر (کاکی بوشهر)، فارس (داراب) و یزد (طبس) جمع‌آوری شدند. دلیل انتخاب این استان‌ها عدم امکان دسترسی به نمونه‌های سایر نقاط در طول تحقیق بود. در این مطالعه گونه‌ی *Cyrtopodion caspium* جمع‌آوری شده از استان خراسان رضوی به‌عنوان نمونهٔ خارجی مورد استفاده قرار گرفت. تمامی نمونه‌ها بر مبنای کلیدهای مرجع شناسایی شدند (۱ و ۳).

برای مطالعات ژنتیکی ابتدا با توجه به منابع (۲۳) یک جفت آغازگر رفت و برگشت به ترتیب (5'-CTCCCAGCCCCATCCAACATCTCAGGATGAAA-3') (5'-TTGTGATTACTGTAGCCCTCAAAATGATATTTGTC-3') مشخص و برای ساخت سفارش داده شد. استخراج DNA از بافت‌های کبد، قلب و ماهیچهٔ اسکلتی نمونه‌ها بر مبنای روش ارائه شده توسط سیمونز و ولتز (۳۲) انجام گرفت و کیفیت و

مقدار DNAی استخراج شده با اسپکتروفوتومتر در طول موج ۲۶۰ نانومتر سنجیده شد. سپس واکنش PCR بر روی ژن سیتوکروم b میتوکندریایی در حجم۵۰ میکرولیتر صورت گرفت. در این حجم یک واحد Taq polymerase، dNTP ۰/۲ میلی‌مولار، $MgCl_2$ ۲/۵ میلی مولار، ۱۵ پیکومول (10^{-12}) از دو پرایمر در حجم ۱µl و ۱۰۰ تا ۲۰۰ نانوگرم از DNAقرار داشت. شرایط دمایی دستگاه PCR جهت انجام واکنش بدین صورت بود: ابتدا دمای ۹۵°C به‌مدت ۱۵ ثانیه، سپس دناتوراسیون در ۳۵ سیکل متوالی شامل ۹۵°C به‌مدت ۴۰ ثانیه، اتصال Annealing در ۶۰°C به‌مدت ۵۰ ثانیه، طویل شدن extension در ۷۲°C به‌مدت ۴۰ ثانیه و سرانجام final extension در ۷۲°C به‌مدت ۳ دقیقه صورت گرفت. با توجه به طول متوسط ۳۹۰bp برای بررسی محصولات PCR از الکتروفورز ژل استاندارد آگارز ۱٪ استفاده گردید. محصولات PCR برای تعیین توالی به شرکت خارجی (Bioneer company، کرهٔ جنوبی) ارسال شدند. بعد از تعیین توالی، توالی‌های به‌دست آمده با نرم‌افزارهای Mega5، Paup و database مورد بررسی قرار گرفته و بر مبنای آن‌ها درخت فیلوژنی رسم شد. توالی‌های ژن سیتوکروم b به‌صورت دستی مرتب و هیچ فاصله‌ای ناشی از حذف (deletion) و یا الصاق (insertion) مشاهده نشد. مرتب سازی توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار database و Mega5 انجام شد و فاصله‌ی توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار Mega5 به دست آمد و ارتباط فیلوژنی در میان نمونه‌های مطالعه شده با ماکزیمم پارسیمونی (MP) به‌دست آمده از نرم‌افزار Paup محاسبه شد.

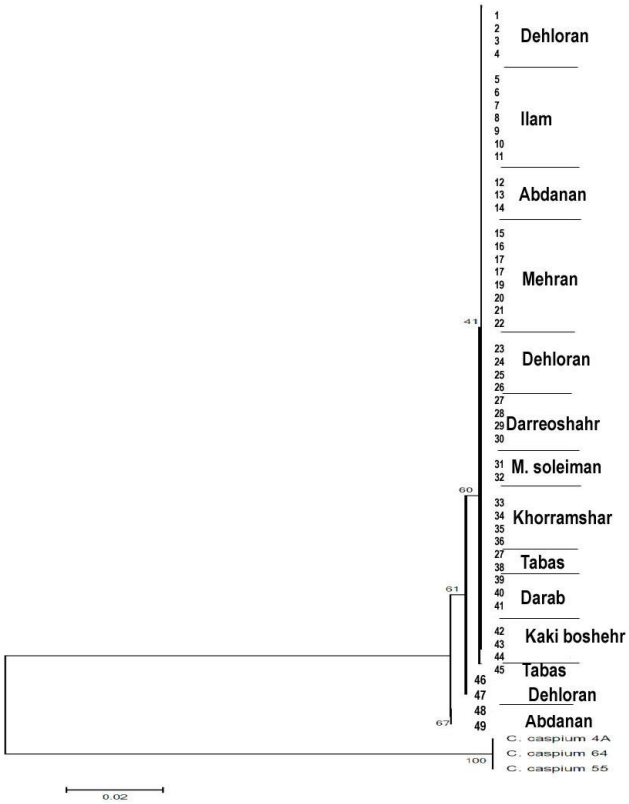
نتایج

مقایسهٔ اطلاعات حاصل از نمونه‌ها نشان داد که میانگین تنوع ژنتیکی برای ژن سیتوکروم b در نمونه‌های مورد مطالعه در حدود صفر است. از این نظر حداقل فاصله ژنتیکی بین نمونه‌های *C. Scabrum* صفر و حداکثر ۰/۱٪ می‌باشد این در حالی است که فاصلهٔ بین نمونه‌های *C. scabrum* و نمونه‌های *C.caspium* ۰/۶٪ می‌شود (جدول ۱).

جدول ۱- فاصله‌های به‌دست آمده با استفاده از نرم‌افزار Mega 5 (اعداد بر مبنای صدم (۰/۰۱) می‌باشند)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1																											
2	0																										
3	0	0																									
4	0	0	0																								
5	0	0	0	0																							
6	0	0	0	0	0																						
7	0	0	0	0	0	0																					
8	0	0	0	0	0	0	0																				
9	0	0	0	0	0	0	0	0																			
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
11	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6																	
12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																
13	5	5	6	6	5	6	6	6	6	6	0	6															
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6														
15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0													
16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0												
17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0											
18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0										
19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0									
20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0								
21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0							
22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0						
23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0					
24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0			
26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
27	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	
28	3	3	2	1	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	0
29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
37	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
40	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
43	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	6	3	6	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
49	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

پس از ترسیم درخت فیلوژنتیکی مشخص شد که در این درخت به‌دلیل شباهت خیلی زیاد نمونه‌ها، کلادها از هم جدا نمی‌شوند (شکل ۱). این نشان دهندهٔ شباهت ژنتیکی خیلی زیاد آن‌ها به هم است که نمی‌توان آن‌ها را در درخت فیلوژنی قرار داد. کلادوگرام شکل ۱ برای سوسماران *C. scabrum* در فاصله‌ی ژنتیکی کم‌تر از یک صد، در نظر گرفته شد، در این فاصله کلادوگرام دارای سه گروه اصلی است. گروه اول که درجه اطمینان آن ۶۱٪ است خود دارای دو شاخه (clade) اصلی است در یکی از آن‌ها نمونه‌هایی از شهرستان مهران، آبدانان، ایلام، دهلران، دره‌شهر، مسجد سلیمان، خرمشهر، طبس، داراب فارس، کاکی بوشهر قرار می‌گیرد. در شاخهٔ دوم دو نمونه از شهرستان آبدانان قرار گرفته، که با نمونه‌های گروه بالا مونوفیلی دارد. درصد اطمینان این شاخه ۶۷٪ می‌باشد و در شاخهٔ سوم با درصد اطمینان ۱۰۰٪ نمونه‌های گونه *C. caspium* قرار دارند.



شکل ۱- کلادوگرام به‌دست‌آمده با نرم‌افزار PAUP با استفاده از توالی‌های ژن سیتوکروم b

بحث

برای رده‌بندی و تعیین ارتباطات فیلوژنیکی بین اعضای خانوادهٔ جکونیده مطالعات متعددی انجام گرفته است. برخی از این مطالعات مبتنی بر ویژگی‌های مورفولوژیکی و زیست‌محیطی است (۳ و ۱۶)، بعضی دیگر بر پایهٔ کاریوتیپ کروموزومی است (۸ و ۲۲)، تعدادی بر مبنای تحقیقات بیوشیمایی است (۲۶و۲۹) و بسیاری نیز براساس تنوع مولکولی DNA است (۱۴، ۱۹ و۳۱). هم اکنون اکثر مطالعات در این زمینه به تنوع در توالی DNAی میتوکندریایی معطوف شده (۵، ۶، ۷ و ۱۸) و براین اساس در این مطالعه به تنوع ژن سیتوکروم b میتوکندریایی پرداخته شد.

از ژن سیتوکروم b میتوکندریایی به‌عنوان نشانگر به‌طور تقریباً وسیعی برای تعیین خویشاوندی و اختلافات گونه‌ها استفاده گردیده است (۱۰ و۲۸). در رابطه با سوسماران نیز مطالعاتی وجود دارد که بر مبنای این ژن به تعیین ارتباطات بین جمعیت‌ها پرداخته شده است. برای مثال استفاده در مورد گونهٔ *Gecko gecko* ساکن کشورهای چین، تایلند و برمه این نشانگر مشخص کرده که در حقیقت این گونه در این مناطق شامل دو انشعاب متفاوت است (30). در مورد ایران نیز محققین چندی با کمک این نشانگر به تجزیه و تحلیل سوسماران فلات ایران پرداخته‌اند. به‌عنوان نمونه Fu و همکاران در سال ۱۹۹۷ ارتباطات تک نیایی (monophyletic) و پَراتباری (paraphyletic) ۱۴ گونهٔ سوسمارهای قفقازی جنس *Lacerta* مشخص کرد (۱۳). در مورد گونه‌های جنس *Cyrtopodion* ایران نیز مطالعاتی انجام گرفته و این مطالعات تک نیایی بودن تمام گونه‌های این جنس در ایران و منطقهٔ خاورمیانه آشکار نموده است (۹). تحقیقاتی که روی سوسمار لاسرتید *Mesalina watsonana* ساکن فلات ایران توسط محققین خارجی اخیراً انجام گرفته است (۳۳) وجود ۴ شاخه (clade) مختلف را با تفاوت ۱۱/۳-۹/۸ درصد (فاصلهٔ P) بین جمعیت‌های مختلف این گونه نشان داده است. برمبنای اظهار نظر این محققین ایجاد رشته کوه زاگرس در طی دورهٔ میوسن (۲۳/۵ تا ۵/۳۳ میلیون سال پیش) نقش بارزی در جدایی جغرافیایی این جمعیت‌ها و واگرایی آن‌ها داشته است. در مورد گونهٔ *Cyrtopodion scabrum* تاکنون

به‌طور خاص مطالعهٔ ژنتیکی در خارج از کشور و یا توسط محققین داخلی صورت نگرفته است و از این‌رو اطلاعاتی به غیر از ویژگی‌های مورفولوژیکی و رفتاری این گونه در دسترس نبود و این تحقیق به نوعی اولین گزارش از اختلافات ژنتیکی در جمعیت‌های این گونه در ایران می‌باشد.

نتایج این تحقیق نشان داد که نمونه‌های *C. scabrum* جمع‌آوری شده از ۵ منطقهٔ مختلف کشور از نظر ژن سیتوکروم b میتوکندریایی تقریباً یکسان می‌باشند به‌طوری‌که از نظر این ژن تفاوت معنی‌داری بین نمونه‌های شرق کشور و نمونه‌های جنوب غرب (خوزستان) دیده نشد. به عبارتی نتایج به‌دست آمده تایید کرد که در طی سکونت این جمعیت‌ها در مناطق مذکور هیچ تفاوت و جدایی ژنتیکی در بین آن‌ها اتفاق نیافتاده است. در واقع این مطالعه نشان داد که تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف این گونه حداقل در محدودهٔ جغرافیایی کشور ایران وجود ندارد و این تایید کنندهٔ این موضوع است که این گونه به‌عنوان یک جکوی خانگی به تازگی (در مقیاس تکاملی) و به‌واسطهٔ انسان در نواحی مختلف کشور منتشر شده است. در واقع زمان اندک جدایی جمعیت‌های پراکنده شده توسط انسان برای ایجاد تنوع ژنتیکی و انباشته شدن آن‌ها در ژنوم کافی نبوده و در نتیجه جمعیت‌های مختلف این گونه هنوز از هم متمایز نشده‌اند. این سوسمار در سرتاسر ایران با وجود فاصلهٔ زیاد و موانع جغرافیایی چون کوه‌ها که شاید برای دیگر گونه‌ها و جنس‌های خزندگان عامل مهمی در تمایز و جدایی جمعیت‌ها به‌شمار می‌رود به‌دلیل انتقال با وسایل نقلیه و بارهای انسانی دارای یکنواختی کامل ژنتیکی است. با توجه به نتایج این مطالعه می‌توان به درستی نشان داد که این گونه یک سوسمار خانگی بوده که در ارتباط نزدیک با انسان و در خانه‌ها، مزارع، انبارها، شوفاژخانه‌ها و ... زندگی می‌کند و از مکان ورود آن به ایران که جنوب غربی کشور می‌باشد (۲۳ و ۲۴) به سرتاسر کشور انتشار یافته و این جابجایی بسیار اخیر بوده و حداکثر عمر آن به مسکونی شدن فلات ایران توسط امروزی بر می‌گردد که به‌نظر می‌رسد بیش از چند هزار سال نباشد و این زمان برای ایجاد تنوع در بین جمعیت‌های یک گونه هرگز کافی نیست. به علاوه زیستگاه‌های این سوسمار در مناطق مسکونی و در سرتاسر محدودهٔ پراکندگی آن تقریباً حالت یکنواختی را نشان می‌دهد. به‌عبارت دیگر این سوسمار بیش‌تر بر روی دیوارها، داخل درزها و شکاف‌های موجود در ساختمان‌های مسکونی زندگی و تولیدمثل می‌کند که عموماً این زیستگاه‌ها در تمام کشور و حتی بیشتر نقاط دنیا دارای ویژگی‌ها و خصوصیات یکسانی بوده و تقریباً همیشه فشارهای اکولوژیکی یکسانی ایجاد می‌کنند که خود منجر به یکنواخت ماندن جمعیت‌های دور از هم این گونه و گونه‌های مشابه آن می‌گردد.

به‌طور خلاصه، با توجه به نتایج این تحقیق شاید بتوان ادعا کرد که با وجود موانع متعدد جغرافیایی که بین جمعیت‌های مختلف گونهٔ *Cyrtopodion scabrum* ساکن مناطق مختلف ایران وجود دارد به‌دلیل زیستگاه‌های یکسانی که این جمعیت‌ها اشغال می‌کنند و ارتباط نزدیکی که با جوامع انسانی دارند احتمالاً هنوز درهم می‌آمیزند و جریان ژنی بین آن‌ها برقرار است.

منابع

۱- **رستگار پویانی، ن.؛ جوهری، م. و رستگار پویانی، ا.، ۱۳۸۶.** راهنمای خزندگان ایران. انتشارات دانشگاه رازی.

2- **Ali, R.A.M., 2012.** Genetic Variation among Nine Egyptian Gecko Species (Reptilia: Gekkonidae) Based on RAPD-PCR. Life Science Journal. 9(1): 154-162.

3- **Anderson, S.C., 1999.** The lizards of Iran. Society for the Study of Amphibians and Reptiles, USA.

4- **Araujo, M.B.; Thuiller, W. and Pearson, R.G., 2006.** Climate warming and the decline of amphibians and reptiles in Europe. Journal of Biogeography. 33: 1712–1728.

5- **Bansal, R. and Karanth, P., 2010.** Molecular phylogeny of *Hemidactylus geckos* (Squamata: Gekkonidae) of the Indian subcontinent reveals a unique Indian radiation and an Indian origin of Asian house geckos. Mol. Phylogenet. Evol. 57: 459–465.

6- **Busais, S. and Joger, U., 2011.** Molecular phylogeny of the gecko genus *Hemidactylus* Oken, 1817 on the mainland of Yemen (Reptilia: Gekkonidae). J. Zool. Middle-east. 53: 25–34.

7- **Carranza, S. and Arnold, N., 2006.** Systematics, biogeography, and evolution of *Hemidactylus geckos* (Reptilia: Gekkonidae) elucidated using mitochondrial DNA sequences. Mol. Phylogenet. Evol. 38: 531-545.

8- **Castiglia, R., 2004.** First chromosomal analysis for the genus *Lygodactylus* (Gray, 1864): The karyotype of *L. picturatus* (Squamata, Gekkonidae, Gekkoninae). Afr. J. Herpetol. 53: 95-97.

9- **Cervenska, J.; Kratochevil, L. and Frynta,**

10- **Chiba, S.V.; Iwatsuki, Y.; Yoshino, T. and Hanzawa, N., 2009.** Comprehensive phylogeny of the family Sparidae (Perciformes: Teleostei) inferred from mitochondrial gene analyses. Genes Genet, Syst. 84(2):153-70

11- **Cunha-Barros, M.; Van Sluys, M.; Vricibradic, D.; Galdino, C.; Hatano, F.H. and Rocha, C.F.D., 2005.** Pattern of infection by chigger mites in four diurnal lizard species from a resting habitat (Jurubatiba) of southern Brazil. Brazilian Journal of Biology. 63(3): 393-399

12- **Cushman, S.A., 2006.** Effects of habitat loss and fragmentation on amphibians: a review and prospectus. Biological Conservation. 128: 231–240.

13- **Fu, J.; Murphy, R.W. and Darvesky, L.S., 1997.** The phylogeny of caucasian rock lizards: implications from mitochondrial DNA gene sequences (Reptilia: Lacertidae). Zoological Journal of the Linnean Societ, 121: 463–477.

14- **Fujita, K. and Papenfuss, J., 2011.** Molecular systematics of *Stenodactylus* (Gekkonidae), an Afro-Arabian gecko species complex. Mol. Phylogenet. Evol. 58: 71-75.

15- **Gamble, T.; Bauer, M.; Colli, G.R.; Greenbaum, E.; Jackman, T.R.; Vitt, L.J. and Simons, M., 2011.** Coming to America: multiple origins of New World geckos. Journal of Evolutionary Biology. 24: 231-244.

16- **Goodman, S. and Hobbs J., 1994.** The distribution and ethnozoology of reptiles of the northern portion of the Egyptian eastern desert. J. Ethnobiol. 14: 75–100.

17- **Grzimek, B., 2004.** Grzimek's Animal life Encyclopedia (V. 7). Second edition. Thomson Gale. The Gale Group Inc.

18- **Gubitz, T.; Thorpe, R. and Malhotra, A., 2005.** The dynamics of genetic and morphological variation on volcanic islands. Proc. R. Soc. (B). 272: 751-757.

19- **Han, D.; Zhou, K. and Bauer, M., 2004.** Phylogenetic relationships among gekkotan lizards inferred from C–mos nuclear DNA sequences and a new classification of the Gekkota. Biol. J. Linn. Soc. 83: 353–368.

20- **Hitchings, S.P. and Beebee T.J.C. 1997.** Genetic substructuring as a result of barriers to gene flow in urban *Rana temporaria* (common frog) populations: implications for biodiversity conservation. Heredity, 79: 117–127.

21- **Howes, B.J. and Lougheed, S.C., 2008.** Genetic diversity across the range of a temperate lizard. Journal of Biogeography (J. Biogeogr.). 35: 1269–1278.

22- **Kawai, A.; Ishijima, J.; Nishida, C.; Kosaka, A.; Ota, H.; Kohno, S. and Matsuda, Y., 2009.** The ZW sex chromosomes of *Gekko hokouensis* (Gekkonidae, Squamata) represent highly conserved homology with those of avian species. Chromosoma. 118: 43–51.

23- **Khan, M.S., 2003.** Questions of generic designation of angular-toed geckos of Pakistan with descriptions of three new genera (Reptilia: Gekkonidae). J. nat. Hist. Wildl. (Karachi), 2: 1-9.

24- **Khan, M.S., 2008.** Review of the morphology, ecology, and distribution of geckos of the genus *Cyrtopodion*, with a note on generic placement of *Cyrtopodion brachykolon*. Caspian J. Env. Sci. 6(1): 79-86.

25- **Khan, M.S., 2009.** Intergeneric Relations of the Angular - Toed Geckos of Circum Western Himalayas (Sauria: Gekkonidae).Pakistan J. Zool., 41(1): 29-34.

26- **Macey, R.; Ananjeva B.; Wang, Y. and Papenfuss, J., 2000.** Phylogenetic relationships among Asian gekkonid lizards formerly of the genus *Cyrtodactylus* based on cladistic analyses of allozymic data: monophyly of Cyrtopodion and Mediodactylus. J. Herpetol., 34: 258–265.

27- **Madsen, T.; Olsson, M.; Wittzell, H.; Stille, B.; Gullberg, A.; Shine, R.; Andersson, S. and Tegelstro, H., 2000.** Population size and genetic diversity in sand lizards (*Lacerta agilis*) and adders (*Vipera berus*). Biological Conservation. 94: 257-262.

28- **Orrell, T.M.; Carpenter, K.E.; Musick, J.A. and Graves, J.E., 2002.** Phylogenetic and Biogeographic Analysis of the Sparidae (Perciformes: Percoidei) from Cytochrome *b* Sequences. Copeia, 3: 618–631

29- **Qin, X.M.; Liang, Y. and Huang, X., 2006.** Isozymes analysis on different tissues from three different populations of *Gekko gecko*. Guangxi Science. 13: 310-316.

30- **Qin, X.M.; Li, H.M.; Zeng, Z.H. and Guan, Q.X., 2012.** Genetic variation and differentiation of *Gekko gecko* from different populations based on mitochondrial cytochrome b gene sequences and karyotypes. Zoological Science. 29(6):384-389

31- **Rato, C.; Carranza, S.; Pereira, A.; Carretero, M. and Harris, J., 2010.** Conflicting patterns of nucleotide diversity **D., 2008.** Phylogeny and taxonomy of the Middle Eastern geckos of the genus *Cyrtopodion* and their selected relatives. Zootaxa 1931: 25-36.

between mtDNA and nDNA in the Moorish gecko, *Tarentola mauritanica*. Mol. Phylogenet. Evol. 56: 962–971.

32- **Simmons R.B. and Weller, S.J., 2001.** Utility and evolution of Cytochrome b in insects. Molecular phylogenetics and evolution. 20(2): 196-210.

33- **Smid, J. and Frynta, D., 2012**. Genetic variability of *Mesalina watsonana* (Reptilia: Lacertidae) on the Iranian plateau and its phylogenetic and biogeographic affinities as inferred from mtDNA sequences. Acta Herpetologica, 7(1): 139-153

Genetic variation in different populations of keeled rock gecko (*Cyrtopodion scabrum*) in some regions of Iranian plateau

- **Nasrin Feli:** Department of Biology, Lorestan University, P.O.Box:456 Khorramabad, Iran
- **Ahmad Gharzi*:** Department of Biology, Lorestan University, P.O.Box:456Khorramabad, Iran
- **Eskandar Rastegar-Pouyani:** Department of Biology, Sabzevar University, P.O.Box:397 Sabzevar, Iran

Received: June 2012 Accepted: November 2012

Key words: Genetic variation, Cytochrome b, Lizard, PCR

Abstract

The keeled-rock gecko, *Cyrtopodion scabrum*, is widely distributed in the south west of Asia and northern Africa. In Iran, this species is often found in most parts of the country and commonly known as the house lizard. In order to determine whether or not there is genetic difference between various populations, 45 individuals of this lizard were collected from 5 regions. After extracting DNA, the mitochondrial cytochrome b gene was amplified by PCR and then sequenced. The sequences were then analyzed by Mega 5 and PAUP software. The findings of present study showed that different populations of this taxon display a homology in respect to mitochondrial cytochrome b gene, since the average variation among these specimens was negligible, ranged from 0 to 0.1%. These results indicate that this taxon has recently been introduced to Iran and a strong gene flow still present within its various populations.

* Corresponding author's email: ahgharzi@yahoo.com