

Investigating the Impact of Geological Events on the Distribution of Blandford's Semaphore Lizard (*Pristurus rupestris*) Using 12S Mitochondrial Gene

Faraham Ahmadzadeh^{1*}, Afarin Shahriyari², Hossein Mostafavi³

1. Assistant Professor, Environmental Research Center, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran
2. Former M. Sc. Student, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran
3. Assistant Professor, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran

(Received: Aug. 21, 2017 - Accepted: Feb. 17, 2018)

Abstract

Sphaerodactylidae is a family of geckos comprising 200 species in 12 genera. They are distributed in the Northern and Southern America, the Caribbean, Southern Europe, Northern Africa, Middle East, and Central Asia. Individuals of genus *Pristurus* are also known as the Semaphore Geckos and consist of 23 to 26 species. *Pristurus rupestris* is one of the smallest species of the genera which is found throughout the Eastern Arabian Peninsula and Southern Iran. In the current study, the origin and distribution of this species in Iran and the islands in which the presence of this gecko was confirmed, as well as the effects of climate oscillation on the distribution of this species during the periods of geologic events with usage of the mitochondrial marker (12S) was studied. To do so, ten samples were collected from the species distribution range and their sequences were added to the sequences obtained from GenBank and the resulted data set was analyzed using Bayesian and Maximum Likelihood methods. The results showed that all Iranian samples belonged to the Eastern Clade. Also, except for Kharg Island, all samples from the other islands of the Persian Gulf were similar to those in the main land. The Haplotype Network illustrated that both Iranian and Omani samples were placed in the same haplogroup and the central haplogroup was located in Oman. It was speculated that during the last Ice Age in Pleistocene era, the Iranian individuals were separated from the Arabian ones and arrived in Iran during the Persian Gulf's drought. Given that the geomorphologic barriers can directly affect the distribution patterns of reptiles, they would be excellent indicators to study the phylogeographic patterns.

Keywords: Blandford's Semaphore Lizard, *Pristurus rupestris*, 12S Mitochondrial Gene, Phylogeography, Persian Gulf.

بررسی تأثیر رویدادهای زمین‌شناسی خلیج فارس بر توزیع و پراکنش گکوی سنگلاخ بلانفورد (*Pristurus rupestris*) با استفاده از ژن میتوکندریایی 12S

فراهم احمدزاده^{۱*}، آفرین شهبازی^۲، حسین مصطفوی^۳

۱. استادیار، پژوهشکده علوم محیطی، دانشگاه شهید بهشتی

۲. دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، دانشگاه شهید بهشتی

۳. استادیار، دانشگاه شهید بهشتی

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۵/۳۰ - تاریخ تصویب: ۱۳۹۶/۱۱/۲۸)

چکیده

خانواده Sphaerodactylidae گکوهایی هستند که در امریکای شمالی و جنوبی، کارائیب، جنوب اروپا، شمال آفریقا، خاورمیانه و آسیای مرکزی توزیع شده‌اند. گکوهای خانواده Sphaerodactylidae جنس *Pristurus* شامل ۲۳ تا ۲۶ گونه هستند. گکوی سنگلاخ بلانفورد *Pristurus rupestris* یکی از کوچکترین گونه‌هاست که در شرق عربستان و جنوب ایران پراکنده شده است. در این مطالعه منشأ و نحوه گسترش این گونه در ایران و جزایری که حضور این گکو در آنجا تأیید شده است، بررسی شد. همچنین تأثیرات نوسان‌های آب و هوایی بر روی پراکنش این گونه در طی دوره‌های زمین‌شناسی با استفاده از نشانگر میتوکندریایی (12S) مورد مطالعه قرار گرفت. از این رو ۱۰ نمونه از محدوده پراکنش این گونه در ایران جمع‌آوری و به همراه نمونه‌های موجود در بانک ژن مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان دادند که نمونه‌های ایران متعلق به کلاد شرق (*P. rupestris*) هستند. همچنین نمونه‌های متعلق به جزایر ایرانی خلیج فارس به جز جزیره خارک، تفاوت چندانی با سرزمین اصلی نشان ندادند. شبکه هاپلوتایپی نشان داد که نمونه‌های ایران به همراه نمونه‌های عمان در یک هاپلوگروپ قرار گرفته و هاپلوتایپ مرکزی نیز مربوط به عمان است. از این رو، احتمال می‌رود که نمونه‌های ایران در طی دوره پلیستوسن از جمعیت سواحل عربی مشتق شده‌اند و در زمان خشک بودن خلیج فارس به ایران رسیده‌اند. با توجه به اینکه موانع ژئومورفولوژیکی بر روی الگوی پراکنش خزندگان تأثیر مستقیم می‌گذارند آنها می‌توانند شاخص خوبی برای بررسی الگوهای جغرافیای تبارشناختی باشند.

واژه‌های کلیدی: گکوی سنگلاخ بلانفورد *Pristurus*

rupestris ژن میتوکندریایی 12S، جغرافیای تبارشناسی، خلیج فارس.

مقدمه

جغرافیای تبارشناختی^۱ مطالعه فرایندهای تاریخی است که مسئول توزیع جغرافیایی افراد در حال حاضر هستند (Avice, 2000). اصطلاح جغرافیای تبارشناختی برای اولین بار توسط John Avice (1987) مورد استفاده قرار گرفت (Avice et al., 1998). یکی از موضوعات اصلی در جغرافیای تبارشناختی، تلاش برای تعیین منشأ جمعیت‌ها و نحوه اشتقاق و ردیابی مسیر مهاجرت آنها به دنبال رویدادهای زمین‌شناسی و اقلیمی در طول تاریخ است (Futuyma, 1998). بیشتر مطالعات جغرافیای تبارشناختی به بررسی روابط درون‌گونه‌ای می‌پردازند؛ به همین دلیل برای بررسی روابط تبارشناختی و دستیابی به تاریخ تکاملی از توالی‌های هسته‌ای و میتوکندریایی استفاده می‌شود. DNA میتوکندریایی (mtDNA) به سبب نرخ واگرایی نوکلئوتیدی نسبتاً سریع، برای بررسی رویدادهایی که در چند میلیون سال گذشته روی داده‌اند، مناسب است (Freeland, 2005). به‌طور کلی نشانگرهای مولکولی در کمی کردن تنوع ژنتیکی، جابجایی افراد و تبادل ژنی بین جمعیت‌ها، شناسایی گونه‌های جدید و تعیین الگوی پراکنش تاریخی گونه‌ها کمک شایان توجهی کرده‌اند (Luikart et al., 1998).

از آنجا که تحرک خزندگان در حد متوسط است و موانع ژئومورفولوژیکی بر روی الگوی پراکنش آنها تأثیر می‌گذارند، آنها شاخص‌های خوبی برای بررسی الگوهای تبارشناختی هستند (Freeland, 2005). برای خزندگان خشکی‌زی آب در مقیاس وسیع، مانند دریاها به عنوان یک مانع فیزیکی پراکنش عمل می‌کند.

جنس *Pristurus* متعلق به گکوهای خانواده Sphaerodactylidae است که به‌عنوان گکوهای سیمافور (Semaphore) شناخته می‌شود و شامل ۲۶

گونه است (Rüppell, 1835; Arnold, 2009; Uetz, 2013). بیشتر گونه‌های این جنس در شمال آفریقا، شبه‌جزیره عربستان و مجمع‌الجزایر Socotra حضور دارند و گونه *Pristurus rupestris* در سواحل جنوبی ایران و سواحل شرقی شبه‌جزیره عربستان یافت می‌شود (Geniez & Arnold, 2006). گگوی سنگلاخ بلانفورد برای اولین بار توسط بلانفورد در سال ۱۸۷۴ از مسقط عمان به ثبت رسید (Anderson, 1999). این گونه را می‌توان در روستاها و شهرها بر روی دیوارهای انسان‌ساخت و درختان دست‌کاشت، فراوان دید. این گونه برای تغذیه، مدت زمان زیادی را به انتظار می‌نشیند (Ross, 1990; Arnold, 1993).

ویژگی‌های ظاهری این گونه بدین صورت است، دم از پهلوها متراکم و فشرده شده، رنگ سطح پشتی قهوه‌ای مایل به خاکستری و یا زیتونی رنگ است، بر روی پهلوها اغلب خط‌های طولی خرمایی متمایل به قرمز رنگ وجود دارد که به وسیله نقاط کم‌رنگ از هم جدا شده‌اند. این گونه منافذ رانی و پیش‌مخرجی ندارد. بر روی دم نرها یک ردیف پولک شانه‌ای تاج مانند قرار دارد.

Badiane et al. (2014) با مطالعه تبارشناختی گونه‌های جنس *Pristurus* و تجدیدنظر در رده‌بندی *P. rupestris* به این نتیجه رسیدند که *P. rupestris* چندنیایی است و شامل دو کلاد بسیار متنوع است: کلاد شرق که در سراسر شمال عمان، امارت متحده عربی و ایران توزیع شده‌اند و کلاد غربی که از ساحل میانی جنوب عمان به سمت یمن، شرق عربستان سعودی تا جنوب اردن کشیده شده است. از نقطه نظر ریخت‌شناسی نیز این دو کلاد تفاوت نشان دادند. از این‌رو نام *P. rupestris* به کلاد شرقی اعمال شد. آنها به‌طور موقت برای کلاد غربی، عنوان *Pristurus* sp.1 را پیشنهاد کردند (تا زمانی که داده‌های بیشتر از *P. rupestris* از سومالی فراهم شود). در ایران برای اولین بار، این گونه از حوالی شهرستان لامرد استان

پراکنش این گونه در ایران، از جنوب فارس، از نواحی ساحلی استان‌های بوشهر، هرمزگان، سیستان و بلوچستان و برخی جزایر (کیش، قشم، لاوان و خارک) در سال ۱۳۹۵ جمع‌آوری شد (شکل ۱). نمونه‌ها ابتدا در الکل ۹۶ درصد قرار داده شدند و سپس به آزمایشگاه اکولوژی مولکولی دانشگاه شهید بهشتی منتقل شدند. استخراج DNA با استفاده از روش استاندارد نمکی صورت گرفت (Sambrook et al., 1989). DNA استخراج شده در دمای ۲۰- درجه نگهداری شد. کیفیت و کمیت DNA استخراجی نیز با استفاده از ژل آگاروز ۱٪ تعیین شد.

واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، الکتروفورز و توالی‌یابی
برای تکثیر ژن 12S، آغازگرهای 12Sa Gecko و 12Sb Gecko مورد استفاده قرار گرفتند (Metallinou et al., 2015). تکثیر ژن مورد نظر با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با شرایط مقابل انجام شد: یک واحد DNA (شامل ۲۰ نانوگرم)، آنزیم Taq پلی‌مراز، بافر PCR1x، ۱/۵ میلی‌مولار کلرید منیزیم و آب مقطر تا رسیدن به حجم ۲۵ میکرولیتر انجام گرفت. چرخه دمایی برای تکثیر عبارت بود از ۲ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد و در ادامه ۳۵ چرخه، شامل ۳۰ ثانیه در ۹۴°C و ۴۰ ثانیه در ۵۲°C و ۱ دقیقه در ۷۲°C و بسط نهایی با ۷۲°C در ۵ دقیقه. سپس محصول نهایی PCR برای خالص‌سازی (Purification) و توالی‌یابی (Sequencing) به شرکت MacroGen کره جنوبی ارسال شد (MacroGen, Korea).

نتایج

نتایج حاصل از توالی‌یابی با استفاده از نرم‌افزار CodonCode Corporation, Codoncode (aligner 6.0.2) (Dedham, MA, USA) ویرایش شد. هم‌ردیف‌سازی نوکلئوتیدی توالی‌ها به وسیله Clustal W با استفاده از نرم‌افزار Bioedit (Hall,

فارس گزارش شد (Gholamifard et al., 2009). پیش از مطالعات Badiane et al. (2014) سه زیرگونه از *Pristurus rupestris* در کل دامنه پراکنش آن شناخته شده بود (Badiane et al., 2014). زیرگونه *P. rupestris rupestris* را ابتدا Blanford در سال ۱۸۷۴ از جزیره خارک ایران و مسقط کشور عمان گزارش کرد (Blanford, 1874) و زیرگونه *P. rupestris guweirensis* نیز توسط Haas (1943) از اردن گزارش شد (Haas, 1943) و Schmidt (1952) نمونه‌های ایران را که محل پیدایش نمونه تیب آن جزیره خارک بود از نمونه‌های کشور عمان که *P. rupestris rupestris* بود مجزا کرد و به عنوان زیرگونه سوم معرفی و *P. rupestris iranicus* نامید (Schmidt, 1952). Yousefi et al. (2015) روابط تبارشناختی درون‌گونه‌ای *P. rupestris* را بر اساس ژن سیتوکروم b در ایران بررسی کردند. مطالعات آنها نشان داد که جمعیت گگوی سنگلاخ بلانفورد در ایران در ۵ کلاد قرار گرفته و بین جمعیت‌ها واگرایی ژنتیکی خیلی کمی وجود دارد آنها پیشنهاد کردند که تمام جمعیت‌ها به عنوان یک گونه و یک زیرگونه هستند.

لذا با توجه به کمبود اطلاعات در خصوص رده‌بندی و نحوه پراکنش این گونه در ایران، در این پژوهش تلاش شد که به بررسی جغرافیای تبارشناختی این گونه با استفاده از ژن میتوکندریایی 12S پرداخته شود؛ همچنین درباره تعیین منشأ جغرافیایی افراد موجود در جزیره‌های ایران با توجه به داده‌های به‌دست آمده، فرضیاتی مطرح شد.

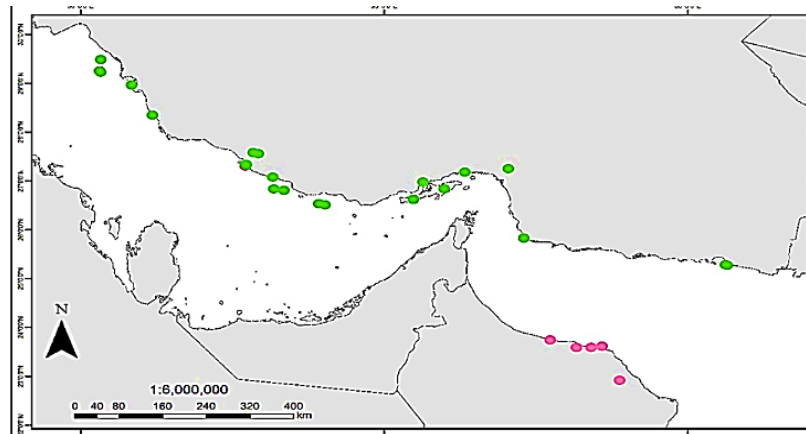
مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری

در این پژوهش نمونه‌های بافتی از مناطق مختلف

برای (Huelsenbeck & Ronquist, 2001) ترسیم درخت درون‌گونه‌ای *P. rupestris* توالی‌های مربوطه (KJ849903-KJ849908) از وبگاه بانک ژن (NCBI) گرفته شدند (جدول ۱). در این مطالعه، وضعیت جغرافیای تبارشناختی گونه گکوی سنگلاخ بلانفورد با توالی به طول ۳۶۸ جفت‌باز با استفاده از ژن میتوکندریایی 12S مورد بررسی قرار گرفت و درخت ژنی برای این گونه ترسیم شد (شکل ۲).

صورت گرفت. بهترین مدل تکاملی با استفاده از نرم‌افزار jModeltest v.0.1.1 (Posada, 2008) محاسبه شد. از نرم‌افزار TCS v1.21 (Clement et al., 2000) برای تعیین هاپلوتیپ‌ها و ترسیم شبکه هاپلوتیپی پارسیمونی استفاده شد. درخت‌های ژنی براساس روش حداکثر شباهت (Maximum Likelihood) با استفاده از نرم‌افزار RAxML (Stamatakis, 2006) و روش بیزین با نرم‌افزار MrBayes v.3.2.X ترسیم شدند

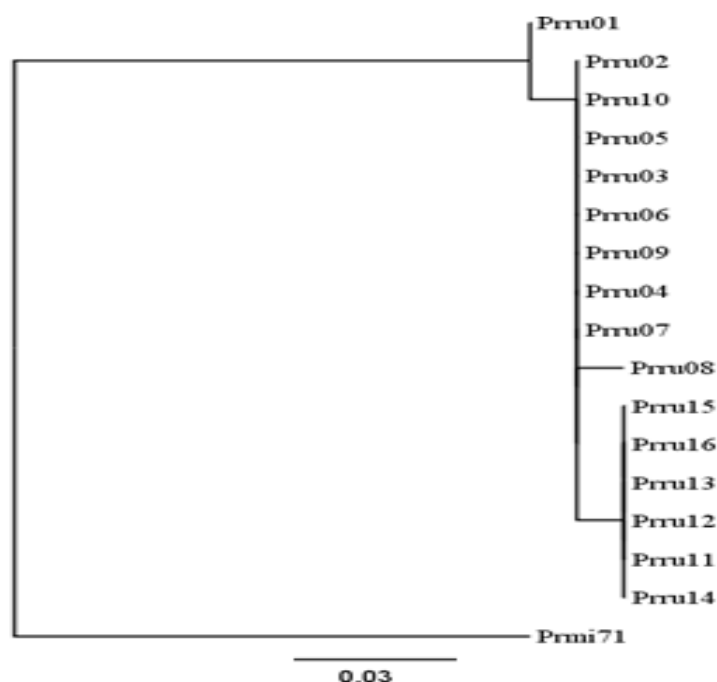


شکل ۱. نقشه نقاط مورد استفاده در آنالیزها، نقاط سبز ایستگاه‌های نمونه‌برداری شده در ایران و نقاط صورتی مربوط به مطالعات (2014) Badiane et al.

جدول ۱. مشخصات نمونه‌هایی که در این پژوهش مورد استفاده قرار گرفتند

مختصات جغرافیایی		محل نمونه‌برداری	ردیف
عرض جغرافیایی	طول جغرافیایی		
52.8397	27.5794	فارس، لامرد	Prru01 1
53.3480	26.8075	هرمزگان جزیره لاوان	Prru02 2
55.6355	26.9799	هرمزگان، بندر خمیر	Prru03 3
54.0225	26.5122	هرمزگان، جزیره کیش	Prru04 4
53.9197	26.5336	هرمزگان، جزیره کیش	Prru05 5
53.1654	27.0771	هرمزگان، پارسیان، مغان	Prru06 6
50.3100	29.2327	بوشهر، بندر ریگ	Prru07 7
50.3261	29.2279	بوشهر، بندر خمیر	Prru08 8
60.6200	25.2838	سیستان و بلوچستان، بهار	Prru09 9
55.4783	26.6222	هرمزگان، جزیره قشم	Prru10 10
KJ849903		بوشهر	Prru11 11
KJ849904		عمان	Prru12 12
KJ849905		عمان	Prru13 13
KJ849906		عمان	Prru14 14
KJ849907		عمان	Prru15 15
KJ849908		عمان	Prru16 16

* ده نمونه اول در این پژوهش، توالی‌یابی شده‌اند.



شکل ۲. درخت ژنی ترسیم شده با استفاده از ژن میتوکندریایی 12S. درخت Bayesian و ML ترسیم شده با استفاده از توالی ژن میتوکندریایی 12S. به دلیل شباهت درخت‌های حاصل فقط درخت ML نشان داده شده است. با استفاده از گونه *Pristurus minimus* ریشه‌دار شد. از آوردن میزان Bootstrap برای ML و *Posterior probabilities* برای BI بر روی هر شاخه به دلیل این که کمتر از ۷۵ درصد و ۰/۷ بودند، صرف نظر شده است.

هاپلوتایپ را برای ۱۶ نمونه از محدوده پراکنش این گونه نشان داد، شامل ۳ هاپلوتایپ برای ایران و ۴ هاپلوتایپ برای عمان. تمامی هاپلوتایپ‌ها در یک هاپلوگروپ قرار می‌گیرند (شکل ۳). همچنین این شبکه نشان داد که هاپلوتایپ‌های قدیمی (مرکزی) در محدوده کشور عمان واقع شده‌اند.

به منظور بررسی وضعیت گونه گگوی سنگلاخ بالانفورد در ایران، شبکه هاپلوتایپی دیگری تنها برای محدوده پراکنش این گونه در ایران ترسیم شد. در این شبکه هاپلوتایپی نمونه‌های مناطق لاوان، چابهار، بندر خمیر، بندر ریگ، جزیره‌های کیش و قشم (در کل نمونه‌های محدوده تنگه هرمز) به عنوان هاپلوتایپ مرکزی (قدیمی) قرار گرفتند. نمونه‌های لامرد و جزیره خارک در هاپلوتایپ‌های مجزا و متصل به هاپلوتایپ مرکزی واقع شدند. تنها نمونه بوشهر با یک جهش (یا داده از دست رفته و نمونه‌برداری نشده) به هاپلوتایپ مرکزی متصل شد (شکل ۴).

در این مطالعه، بهترین مدل تکاملی با در نظر گرفتن معیار AIC، GTR محاسبه شد. درخت با استفاده از گونه *Pristurus minimus* ریشه‌دار شد. مطابق درخت به‌دست آمده، بوت استرپ^۱ و *Posterior probabilities* برای هیچ کدام از کلادها معنی‌دار نشد. همان‌طور که توپولوژی درخت به دست آمده نشان می‌دهد، نمونه‌های ایران در کنار نمونه‌های عمان قرار گرفتند. فقط نمونه لامرد (Prru01) از سایر نمونه‌ها مجزا شده است.

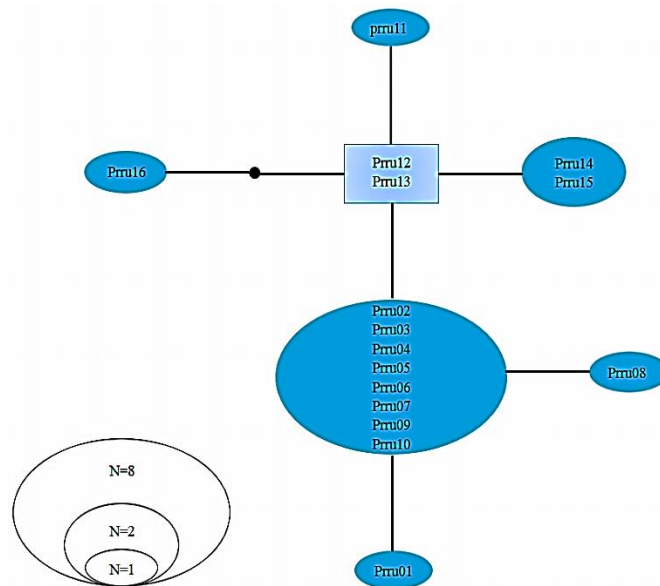
فاصله ژنتیکی غیر تصحیح شده به‌دست آمده نشان داد که فاصله ژنتیکی بین افراد بسیار اندک بود. تنها نمونه لامرد (Prru01) و جزیره خارک (Prru08) بیشترین فاصله ژنتیکی (۰/۶ درصد) را با نمونه‌های عمان نشان دادند (جدول ۲).

شبکه هاپلوتایپی ترسیم شده در مجموع ۷

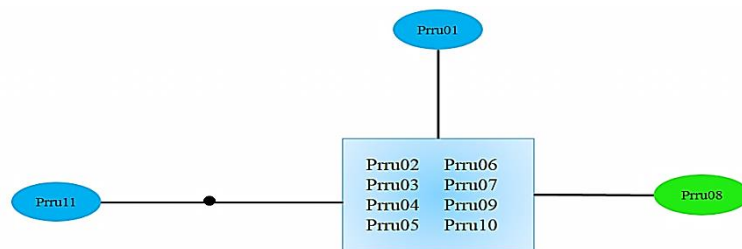
1. Bootstrap

جدول ۲. ماتریکس فاصله ژنتیکی غیرتصحیح شده براساس ژن 12S rRNA بین افراد گونه گکوی سنگلاخ بلانفورد در دامنه پراکنش آن

	16	15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1							
Prru01																1							
Prru02															0.003	2							
Prru03														0.000	0.003	3							
Prru04														0.000	0.000	0.003	4						
Prru05														0.000	0.000	0.003	5						
Prru06														0.000	0.000	0.003	6						
Prru07														0.000	0.000	0.003	7						
Prru08														0.003	0.003	0.003	0.006	8					
Prru09														0.003	0.000	0.000	0.003	9					
Prru10														0.000	0.003	0.000	0.003	10					
Prru11														0.003	0.003	0.006	0.003	0.006	11				
Prru12														0.000	0.003	0.003	0.006	0.003	0.006	12			
Prru13														0.000	0.000	0.003	0.003	0.006	0.003	0.006	13		
Prru14														0.000	0.000	0.000	0.003	0.003	0.006	0.003	0.006	14	
Prru15														0.000	0.000	0.000	0.003	0.003	0.006	0.003	0.006	15	
Prru16														0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.003	0.006	0.003	0.006	16



شکل ۳. شبکه هاپلوتایپی پارسیمونی براساس ژن 12S میتوکندریایی برای نمونه‌های ایران و عمان



شکل ۴. شبکه هاپلوتایپی پارسیمونی براساس ژن 12S میتوکندریایی برای نمونه‌های ایران

بحث و نتیجه‌گیری

بیشتر گونه‌های جنس *Pristurus* در شمال آفریقا، شبه جزیره عربستان و مجمع‌الجزایر Socotra یافت می‌شوند و *P. rupstris* Blanford, 1874 تنها گونه از این جنس است که در سواحل جنوبی ایران گسترش یافته است.

Badiane *et al.* (2014) پیشنهاد کردند که احتمالاً توزیع این گونه در ایران، نتیجه گسترش و استقرار اخیر آن از جنوب شرقی شبه‌جزیره عربستان بوده است. شبکه هاپلوتایپی ترسیم‌شده در مطالعه پیش رو برای تمام نمونه‌های *P. rupstris* با ژن 12S بیانگر این نکته بود که هاپلوتایپ قدیمی این شبکه در کشور عمان قرار دارد. این یافته نشان می‌دهد که احتمالاً این گونه از سواحل شرقی شبه جزیره عربستان وارد ایران شده است. قرارگیری نمونه‌ها در یک هاپلوگروپ و کم بودن فاصله ژنتیکی میان نمونه‌های این دو منطقه احتمال می‌رود که این گونه اخیراً وارد مرزهای ایران شده است.

از نگاه زمین‌شناسی خلیج فارس فرونشست زمین‌ساختی کم‌ژرفایی است که در زمان ترشیاری پسین در حاشیه جنوبی کوه‌های زاگرس تشکیل شده است. به طور کلی خلیج فارس یک دریای حاشیه‌ای است که به طور کامل روی فلات قاره قرار دارد و سرایشی آن دریای عمان است. این خلیج ۲۰۰-۳۰۰ کیلومتر پهنا دارد. برخورد ساختارهای کرانه عربی و رشته‌کوه زاگرس توپوگرافی زیردریایی خلیج فارس را تشکیل می‌دهد (Aghanabati, 2006). در دوره پلیستوسن در زمان آخرین عصر یخبندان ۱۲۰۰۰ تا ۱۸۰۰۰ سال قبل زمانی که سطح آب دریاها پایین رفته و خلیج فارس تقریباً خشک شده بود، در این محدوده زمانی فرصتی پدید آمد تا جانوران دو طرف این حوضه با هم ارتباط برقرار کنند، ولی بعد از آن به تدریج سطح آب دریاها شروع به بالا آمدن کرد و به عنوان یک حائل طبیعی بین گونه‌های این دو منطقه

از جمله خزندگان عمل کرده است (Lambeck, 1996).

MacArthur (1963) و Wilson (1967) تئوری جغرافیای زیستی جزایر را مورد بررسی قرار دادند. آنها به این نکته اشاره کردند که گونه‌زایی در داخل جزایر رابطه زیادی با درجه انزوای جزیره از سرزمین اصلی دارد. چگونگی پرگنه‌سازی^۱ جزایر خلیج فارس را می‌توان به این صورت در نظر گرفت که احتمالاً انتشار این گونه در عصر یخبندان به صورت تدریجی بوده است. زمانی که سطح آب بعد از آخرین عصر یخبندان بالا آمده و وارد حوضه‌های خلیج فارس شده آب به عنوان یک مانع فیزیکی بین جزیره و سرزمین اصلی عمل کرده است (MacArthur, 1963; Wilson, 1967).

با توجه به نتایج شبکه هاپلوتایپی ترسیم شده برای تمام نمونه‌های *P. rupstris* با ژن 12S که بیانگر این بود که تمامی نمونه‌ها در یک هاپلوگروه قرار گرفته و هاپلوتایپ قدیمی این شبکه در کشور عمان قرار دارد، می‌توان دریافت که احتمالاً این گونه از سواحل شرقی شبه جزیره عربستان وارد ایران شده است که با نتایج مطالعه گذشته مطابقت دارد. همچنین می‌توان به این نکته اشاره کرد که میزان انزوا در جزایر موجود در ایران برای این گونه به طور کامل وجود ندارد و احتمال دارد که جریان ژنی بین جزایر و سرزمین اصلی برقرار باشد. در حال حاضر پیش بینی می‌شود که جریان ژنی بین جمعیت‌های ایران و عمان به طور طبیعی وجود ندارد؛ زیرا آب به عنوان عامل محدود کننده عمل کرده است. اما از نظر عوامل انسانی می‌تواند جریان ژنی برقرار باشد.

به طور کلی خزندگان، تنوع گونه‌ای قابل ملاحظه‌ای در حوضه خلیج فارس دارند. نوسانات آب و هوایی بویژه وقایع دوره‌های یخبندان و رویدادهای زمین‌شناسی، نقش مهمی در گونه‌زایی و همچنین

سپاسگزاری

از معاونت اداره کل حفاظت محیط‌زیست استان هرمزگان، جناب آقای مهندس میثم قاسمی و رئیس اداره کل حفاظت محیط‌زیست استان بوشهر جناب آقای دکتر دلشب و آقای مهران فقیه به پاس تمام همکاری‌ها و حمایت‌های بی‌دریغشان در نمونه‌برداری و از تمام کسانی که در انجام این تحقیق ما را یاری رساندند، تشکر و قدردانی می‌شود.

توزیع و پراکنش بسیاری از گونه‌های آنها ایفا کرده است. داده‌های مولکولی می‌توانند در یافتن موانعی که کمتر دیده می‌شوند و یا در مناطق غیرقابل دسترس، مانند اقیانوس‌ها مفید واقع شوند (Morjan & Rieseberg, 2004). در مجموع می‌توان اشاره کرد که مطالعه سوسمارهای حوضه خلیج فارس پاسخگوی سؤالات زیادی درباره نحوه پراکندگی جانوران مختلف در سواحل خلیج فارس خواهد بود.

REFERENCES

- Aghanabati, A. (2006). Geology of Iran. Geological Survey of Iran, Tehran. 586 p (in Persian).
- Anderson, S.C. (1999). The Lizard of Iran. Society for the Study of Amphibians and Reptiles. Oxford, Ohio. P. 44.
- Arnold, E.N. (1993). Historical changes in the ecology and behavior of semaphore geckos (*Pristurus*, Gekkonidae) and their relatives. *Journal of Zoology*. 229, pp. 353–384.
- Arnold, E.N. (2009). Relationships, evolution and biogeography of Semaphore geckos, *Pristurus* (Squamata, Sphaerodactylidae) based on morphology. *Zoo taxa*. 2060, pp. 1–21.
- Avise, J.C. (1998). Walker D. Pleistocene phylogeographic effects on avian populations and the speciation process. *Proc. R. Soc. Lond. B* 265, pp. 457–463.
- Avise, J.C. (200). *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard university press.
- Badiane, A.; Garcia-Porta, J; Cervenka, J.; Kratochvíl, L.; Sindaco, R; Robinson, M; Morales, H; Mazuch, T; Price, T.; Amat, F.Y.; Shobrak, M; Wilms, T.; Riudalbas, M.S.; Ahmadzadeh, F.; Papenfuss, T; Cluchier, A; Viglione, J. Carranza, S; Phylogenetic relationships of Semaphore geckos (Squamata: Sphaerodactylidae: *Pristurus*) with an assessment of the taxonomy of *Pristurus rupestris*. *Zootaxa* 3835. 2014. (1), pp. 033–058.
- Blanford, W.T. (1874). Description of new lizards from Persia and Baluchistàn. *Annals and Magazine of Natural History*. 13, pp. 453–455.
- Clement, M.; Posada, D.; Crandall, K. (2000). TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*. 9, pp. 1657–1660.
- Freeland, J; (2005). *Molecular Ecology*. Open University, Milton Keynes press. P. 402.
- Futuyma, D.J. (1998). *Evolutionary biology*. Sinauer, Sunderland. 1998. MA7.
- Geniez, P.; Arnold, E.N. (2006). A new species of semaphore gecko *Pristurus* (Squamata: Gekkonidae) from Mauretania, represents a 4700km range extension for genus. *Zoo taxa*. 1317, pp. 57–68.
- Gholamifard, A.; Esmaili, H.R; Kami, H.G. (2009). First report of Blanford's semaphore gecko, *Pristurus rupestris* (Blanford 1874) (Sauria: Gekkonidae) in Fars Province, Iran. *Iranian Journal of Animal Biosystematics*. 5, pp. 91–93.
- Haas, G. (1943). On a collection of reptiles from Palestine, Transjordan and Sinai. *Copeia*. 10–15. <http://dx.doi.org/10.2307/1437872>.
- Hall, G.B. (2001). *Phylogenetic Tree*

- Model Essay: A How-to Manual for Molecular Biologists. Sinauer Associates. 2001. Sunderland.
- Huelsenbeck, J.P; Ronquist, F. (2001). MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*. 17, pp. 754–755.
- Lambeck, K. (1996). Shoreline reconstruction for the Persian Gulf since the last glacial maximum. *Earth Planet Sc Lett*. 142, pp. 43–57.
- Luikart, G; Allendorf, F.W; Cornuet, J.M; Sherwin, W.B. (1998). Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *Hered*. 89, pp. 238–247.
- Metallinou, M; Cervenka, J; Crochet, P.A; Kratochvíl, L; Wilms, T; Geniez, P; Shobrak, M.Y; Brito, J.C; Carranza, S. (2015). Species on the rocks: Systematics and biogeography of the rock-dwelling *Ptyodactylus* geckos (Squamata: Phyllodactylidae) in North Africa and Arabia. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 85, pp. 208–220.
- MacArthur, R.H. (1963). Wilson EO. An equilibrium theory of insular zoogeography. *Evolution*. 17(4), pp. 373–387.
- Morjan, C.L. (2004). Rieseberg LH. How species evolve collectively: Implications of gene flow and selection for the spread of advantageous alleles. *Molecular Biology*. 13, pp. 1341–1356.
- Posada, D. (2008). jModelTest: Phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*. 25, pp. 1253–1256.
- Ross, W. (1990). Notes on the behavior of *Pristurus rupestris* (Reptilia: Gekkonidae) with special reference to tail signaling. *Fauna of Saudi Arabia*. 11, pp. 300–305.
- Rüppell, E. (1835). Neue Wirbelthiere zu der Fauna von Abyssinien gehörig, entdeckt und beschrieben. *Amphibien*. S. Schmerber, Frankfurt A. M. 1835. P. 148.
- Sambrook, J; Fritsch, E.F; Maniatis, T. (1989). *Molecular cloning: a laboratory manual*. Cold Spring Harbour, NY: Cold Spring Harbour Press.
- Schmidt, K.P; Diagnoses of new amphibians and reptiles from Iran. *Natural History Miscellanea*. 93, 1–2.
- Stamatakis, A. (2008). Hoover P, Rougemont J. A rapid bootstrap algorithm for the RAxML web servers. *Systematic Biology*. 57, pp. 758–771.
- Uetz, P; (2013). The Reptile Database. 2013. Available from: <http://www.reptile-database.org>. accessed 4 December 2013.
- Wilson, A.G. (1967). A statistical theory of spatial distribution models. *Transportation research*. 1967. 1(3), pp. 253–269.
- Yousefi, S. (2015). Rastegar-Pouyani E, Hojati V. Phylogenetic relationships among populations of *Pristurus rupestris* Blanford. *Turkish Journal of Zoology*. 39: pp. 447–451.