یافته‌های نوین در علوم زیستی
جلد ۷، شماره ۲، صفحات ۱۹۲ الی ۲۰۵ (۱۳۹۹)
انتشارات دانشگاه خوارزمی

Nova Biologica Reperta 7(2): 192-205 (2020)
Print ISSN: 2423-6330/Online ISSN: 2476-7115
https://nbr.khu.ac.ir; Kharazmi University Press; DOI: 10.29252/nbr.7.2.192

بررسی تنوع ژنتیکی سوسمار خاردم ایرانی و پیش‌بینی توزیع گونه‌ای در شرایط تغییر اقلیم

زینب قائدی، ریحانه صابری پیروز، الهام ابراهیمی، سحر بدری و فراهم احمدزاده

گروه تنوع زیستی و مدیریت اکوسیستم‌ها، پژوهشکده علوم محیطی، دانشگاه شهید بهشتی تهران، تهران، ایران

مسئول مکاتبات: فراهم احمدزاده، F_ahmadzade@sbu.ac.ir

چکیده. روش‌های متفاوتی برای بررسی تاثیرات نوسانات اقلیم بر روی موجودات وجود دارد. از میان آن‌ها جغرافیای تبارشناختی (Phylogeography) و مدلسازی توزیع گونه‌ای SDM (Species Distribution Model) مناسب‌ترین ابزار برای بررسی اثرات تغییر اقلیم در طی زمان بر تغییرات توزیع جغرافیایی گونه‌ها هستند. در این تحقیق به منظور بررسی تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای سوسمار خاردم ایرانی *Saara asmussi* هفت نمونه از محدوده پراکنش این گونه در ایران جمع‌آوری و با استفاده از ژن سیتوکروم b بررسی شد. مدلسازی توزیع این گونه نیز با ۴۱ نقطه حضور و لایه‌های اقلیمی Bioclime برای شرایط کنونی و آینده (سال ۲۰۵۰) با استفاده از بسته آماری SDM و با هدف بهره‌گیری از مدل همادی (Ensemble) انجام شد. نتایج آنالیزهای ژنتیکی نشان داد که نمونه بستک در استان هرمزگان از سایر نمونه‌ها مجزا است. تنوع هاپلوتایپی این گونه ۰/۸ به‌دست آمد. شبکه هاپلوتایپی، هاپلوتایپ مرکزی این گونه را در فلات مرکزی ایران نشان داد. همچنین مدل همادی در شرایط اقلیمی حاضر لکه‌هایی زیستگاهی مطلوب این گونه را در جنوب و فلات مرکزی ایران پیش‌بینی کرد که در سال ۲۰۵۰ مساحت این لکه‌ها کاهش و لکه‌ای با وسعت محدود در بلوچستان به‌عنوان زیستگاه مطلوب افزوده می‌شود. به‌طور کلی مطالعات ژنتیکی و پیش-بینی‌های مدلسازی توزیع گونه‌ای نشان داد که جدایی نمونه‌های غربی از جنوب (بستک در هرمزگان) به دلیل ایجاد دو لکه زیستگاهی مجزا در این نواحی بوده است. همچنین براساس طرح‌های راهنما مدلسازی آینده، زیستگاه مطلوب این گونه در محدوده هاپلوتایپ مرکزی قرار گرفته است.

واژه‌های کلیدی. ژن میتوکندریایی، سوسمار خاردم، فلات ایران، مدل همادی، مدل‌سازی توزیع گونه‌ای

Genetic diversity within the Iranian spiny-tailed lizards and predicting species distribution in climate change conditions

Zeinab Ghaedi, Reihaneh Saberi-Pirooz, Elham Ebrahimi, Sahar Badri & Faraham Ahmadzadeh

Department of Biodiversity and Ecosystem Management, Environmental Sciences Research Institute, Shahid Beheshti University, G.C., Evin, Tehran, Iran

Correspondent author: Faraham Ahmadzadeh, F_ahmadzade@sbu.ac.ir

Abstract. There are different methods to investigate the effects of climatic fluctuations on the biota, two of which, molecular phylogeography and SDM, are the most useful tools to trace the past climate induced modifications on species' geographic distributions. In this study, seven samples were collected from the species distribution range in Iran for the purpose of measuring the genetic variation within the Iranian spiny-tailed lizards, using cytochrome b. SDM was carried out by 41 presence points and bioclimatic variables for the present and future climatic conditions (by the year 2050), employing the statistical package 'sdm' in order to implement the ensemble model. The results of genetic analyses revealed that the specimens from Bastak in Hormozgan Province are distinguishable from all other specimens. Haplotype diversity was calculated as 0.8. The haplotype network illustrated that the central haplotype is located in the central Iranian Plateau. Moreover, the ensemble model predicted that, while the suitable habitats of this species were found to be in the south of Iran and the Iranian Central Plateau in the present climatic conditions, there will be a decrease in the extent of these patches and Baluchistan will be added as a suitable habitat in 2050. Generally, both genetic studies and modeling predictions suggested that the western and southern specimens (Bastak in Hormozgan) were divided according to the separation of their habitats. In addition, based on modeling scenarios in the future, the optimal habitat for the species is located in the central haplotype area.

Keywords. Ensemble model, Iranian plateau, mitochondrial gene, species distribution model, spiny-tailed lizard

Received 08.05.2019/ Revised 27.08.2019/ Accepted 03.09.2019/ Published 01.07.2020

دریافت: ۱۳۹۸/۰۲/۱۸/ اصلاح: ۱۳۹۸/۰۶/۰۵/ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۶/۱۲/ انتشار: ۱۳۹۹/۰۴/۱۱

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

مقدمه

به طور کلی تنوع زیستی شامل تنوع حیات در روی زمین است (Gaston & Spicer, 2004). اقلیم به عنوان متوسط شرایط آب و هوایی در یک منطقه خاص و معین توصیف می‌شود و تغییر اقلیم یعنی هر تغییر مشخص در الگوهای مورد انتظار برای وضعیت میانگین آب و هوایی، که در طولانی مدت در یک منطقه خاص یا برای کل اقلیم جهانی، رخ بدهد. اقلیم همواره در حال تغییر بوده که این تغییر تا حد زیادی توسط فعالیت خورشید و گردش جو صورت می‌پذیرد، اما تغییر اقلیم اخیر حداقل تا حدی ناشی از فعالیت‌های بشر به‌واسطه افزایش غلظت گازهای گلخانه‌ای است (Trisurat et al., 2011). روش‌های متعددی برای بررسی اثرات تغییرات اقلیمی بر روی توزیع گونه‌ها در دسترس است که تبارشناختی مولکولی و مدل‌سازی توزیع گونه‌ای SDM (Species Distribution Model) از مهمترین این روش‌ها شناخته شده‌اند (Ahmadzadeh et al., 2013). از آن جهت که برای پیش‌بینی پاسخ گونه‌ها به تغییرات اقلیم، نیاز به دانش بیش‌تری از نحوه توزیع گونه‌ها وجود دارد (Buckley & Roughgarden, 2006)، امروزه SDM به طور گسترده به عنوان ابزار جدیدی برای حفاظت، بررسی موضوعات اکولوژیکی و تکامل و ارزیابی پتانسیل توزیع گونه‌ها مورد استفاده قرار گرفته است (Elith et al., 2006; Guisan & Thuiller, 2005; Jeschke & Strayer, 2008). اغلب تلاش‌های انجام شده برای درک چگونگی توزیع گونه‌ها به بررسی تغییرات توزیع گونه‌ای در مقابل متغیرهای محیطی برمی‌گردد (Peterson & Vieglais, 2001; Gaston, 2003; Huntley et al., 2004; Parmesan et al., 2005) و SDM این امکان را فراهم می‌آورد تا بتوان مجموعه‌ای از فاکتورهای محیطی اثرگذار بر الگوی توزیع گونه‌ای را ارزیابی نمود (Kaliontzopoulou, 2008). استفاده از الگوریتم‌های مختلف مدل‌سازی توزیع گونه‌ای تحت طرح‌های راهنما تغییرات اقلیمی دارای عدم قطعیت زیادی است. از این جهت که الگوریتم‌های مختلف که در شرایط اقلیمی کنونی دقت بالا و نزدیک به هم دارند، ممکن است در طرح‌های راهنما ، پیش‌بینی‌های کاملا متفاوتی داشته باشند و از طرف دیگر داده مورد نیاز برای ارزیابی دقت مدل‌ها در آینده وجود ندارد (Araújo et al., 2005) از این‌رو محققین با استفاده از ترکیب الگوریتم‌های مختلف مدلسازی در قالب یک مدل همادی سعی در به حداقل رساندن این عدم قطعیت داشته‌اند (Ebrahimi, 2018).

حفاظت از تنوع زیستی به منظور نگهداری، حفظ، استفاده پایدار و بهبود بخشیدن عناصر تنوع زیستی است (Mutia, 2009). برای حفاظت از تنوع زیستی نه تنها در نظر گرفتن تعداد زیاد آرایه‌هایی که امروزه زندگی می‌کنند ضروری است بلکه حفظ سطح بالایی از تنوع زیستی در آینده مورد نیاز است. بدین جهت توجه به تبارشناختی بیش از پیش مورد نیاز است (Vazquez & Gittleman, 1998). مطالعات تئوری نشان دادند که بالا بودن تنوع تبارشناختی در جامعه، پتانسیل تکاملی را برای سازش یافتن به تغییرات محیطی افزایش می‌دهد (Mouquet et al., 2012; Sgro et al., 2011; Meynard et al., 2011; Bellwood et al., 2003). از این رو کاهش تنوع ژنتیکی به عنوان یک شاخصی برای بحران تنوع زیستی ارائه می‌شود (Davies & Buckley, 2011). در نتیجه توجه به این گونه، مطالعه گسترده در زمینه تنوع ژنتیکی و زیستگاه آن حائز اهمیت است. از لحاظ تنوع زیستی، خزندگان یکی از اجزای زیستی بسیار متنوع در جهان به حساب می‌آیند (Pincheira-Donoso et al., 2013). خانواده آگامیده (Agamidae) در بین سوسمارها یکی از ساکنان بسیار گسترده در دنیای قدیم به شمار می‌روند (Ananjeva et al., 2006). سوسمارهای خاردم (Uromasticinae) یکی از زیرخانواده‌های آگامیده بوده که دارای رنگ‌های متنوع و اندازه‌ی متوسط تا بزرگ هستند (Tamar et al., 2017). این حیوانات بدن فشرده داشته و دست و پای آن‌ها قوی و کوتاه است. دم با فلس‌های خاردار پوشیده و در حلقه‌های متمایز قرار گرفته است (Wilms & Bohme, 2007). سوسمارهای خاردم دارای ریخت شناسی و اسکلت خاص و ساختمان دندانی آکرودنت هستند که دندان‌ها در بالغین جایگزین نمی‌شود (Porro et al., 2014). اعضای این زیرخانواده ساکن مناطق صاحارا-سندی هستند و در کمربند بیابانی دنیای قدیم بین ۵ تا ۳۵ درجه شمالی حضور دارند و دامنه پراکنش آن‌ها، زمین‌های سنگلاخ و دشت‌های شنی در شمال آفریقا، خاورمیانه، عربستان، ایران، عراق، افغانستان، پاکستان و شمال‌غرب هندوستان است (Wilms & Schmitz, 2007). با وجود اینکه زیستگاه این سوسمارها در بیش‌تر مواقع بصورت مستقیم در معرض تهدید قرار نمی‌گیرد و بیش‌تر شامل بیابان‌های بدون کاربری است و در مکان‌هایی دور از محل سکونت انسان‌ها قرار گرفته است، اما به سبب تجارت این گونه‌ها و بخصوص جمع‌آوری آن‌ها از جمعیت وحشی باعث شده که تمام گونه‌های سوسمارهای خاردم در پیوست II فهرست گونه‌های کنوانسیون بین‌المللی منع تجارت گونه‌های در معرض خطر CITES (Convention on International Trade in Endangered Species) قرار گیرند (Knapp, 2004). ترکیب اطلاعات ریخت شناسی و مولکولی بر اساس ژن میتوکندریایی 16S ریبوزومی سبب طبقه‌بندی درون زیرخانواده Uromastycinae

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

شد. از این رو به کلادی که شامل گروه سوسمارهای ناحیه ایران-تورانی بود، با توجه به تفاوت ژنتیکی آن با سایر سوسمارهای خاردم، جنس *Saara* اطلاق شد. جنس *Saara* به عنوان کلاد خواهری جنس *Uromastyx* به شمار می‌رود (Wilms et al., 2009). پیش از این تصور بر آن بود که تنها جنس *Uromastyx* در این زیرخانواده موجود است. بنابراین زیرخانواده Uromasticinae از دو جنس *Saara* و *Uromatyx* تشکیل شده است و شامل ۱۸ گونه است که از این میان سه گونه *Saara hardwickii*، *Saara asmussi* و *Saara loricata* متعلق به جنس *Saara* است. *S. hardwickii* از پایه‌ترین موقعیت تبارشناختی زیرخانواده سوسمار خاردم منشعب شده است و در جنوب آسیا زندگی می‌کند. بنابراین به نظر می‌رسد که جد مستقیم این زیرخانواده در مرکز-جنوب آسیا می‌زیسته است (جایی که جنس *Uromastyx* منشا گرفته و به طرف غرب، زیستگاه‌های گرم و خشک که مناسب برای زندگی آن‌ها بوده، مهاجرت کرده‌اند) (Amer & Kumazawa, 2005). در سال ۱۹۸۶ بر اساس شواهد ایمنولوژی مشخص شد که هر دو گروه *S. asmussi* و *S. loricata* با گروه *S. hardwickii* (شرقی‌ترین جنس) یک گروه طبیعی را تشکیل می‌دهند (Joger, 1986). اما بعدها براساس توالی ژن میتوکندریایی 16S ریبوزمی مشخص شد که دو گونه‌ی *S. asmussi* و *S. loricata* با *S. hardwickii* تشکیل کلاد خواهری می‌دهند (Wilms et al., 2009). *S. asmussi* از لحاظ ریخت‌شناسی با گونه *S. loricata* تفاوت چندانی ندارد. در سال ۱۹۵۶ پیشنهادی ارائه شد که این دو گونه ممکن است زیرگونه‌های جدا از هم باشند (Mertens, 1956) و پس از آن، این دو گونه براساس خصوصیات ریخت-شناسی جدا از هم در نظر گرفته شد (Moody, 1987). گونه سوسمار خاردم ایرانی *S. asmussi* حداکثر طول آن ۴۷۵ میلی-متر است. حداکثر طول پوزه تا مخرج ۲۶۵ میلی‌متر و طول دم ۲۱۰ میلی‌متر است (Anderson, 1999). خارهای نزدیک به قاعده دم بزرگ است (Khan, 2002). دارای فلس‌های نسبتا بزرگ در حاشیه جلویی سوراخ گوش و ۱۳-۸ حفره رانی و پیش‌مخرجی است که در هر طرف ۲-۳ حفره مخرجی و ۸-۶ حفره رانی وجود دارد (Hoser Raymond, 2014). این گونه محدود به نواحی خشک مرکز، شرق و جنوب ایران، جنوب افغانستان تا پاکستان است که در ایران در استان‌های خراسان، سمنان، یزد، اصفهان، کرمان، سیستان و بلوچستان پراکنش دارد (Anderson, 1974).

تاکنون مطالعات اندکی روی گونه *S. asmussi* انجام شده است. هدف از انجام این تحقیق، بررسی تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای سوسمار خاردم ایرانی و استفاده از مدل‌های توزیع گونه ای جهت شبیه‌سازی تغییرات بالقوه مطلوبیت گونه‌ی *S. asmussi* طی دوره‌های اقلیمی کنونی (۱۹۷۰-۲۰۰۰) و آینده (سال ۲۰۵۰) با استفاده از دو طرح راهنما RCP2.6 و RCP6.0 است.

مواد و روش‌ها

مطالعات ژنتیکی درون گونه‌ی سوسمار خاردم ایرانی

پراکنش جهانی سوسمار خاردم ایرانی در شکل ۱ نشان داده شده است. در این پژوهش در مجموع هفت نمونه از گونه سوسمار خاردم ایرانی به منظور مطالعه‌ی ژنتیکی از استان‌های سمنان، یزد، اصفهان و هرمزگان جمع‌آوری گردید (شکل ۱). برای بررسی نمونه‌ها، از خون، انتهای دم جانور و یا فلس‌های دمی بافت تهیه شد. بافت‌ها را در اتانول ۹۶ درصد قرار داده و به آزمایشگاه اکولوژی مولکولی پژوهشکده علوم محیطی دانشگاه شهید بهشتی منتقل شدند. اطلاعات نمونه‌های مطالعه شده در این پژوهش، به همراه مختصات جغرافیایی و محل جمع‌آوری آن‌ها در جدول ۱ فهرست شده‌اند. با توجه به اینکه تعدادی از نمونه‌های گونه *S. asmussi* قدیمی بوده و یا متعلق به نمونه‌های موزه‌ای بودند، استخراج DNA از فلس دمی آن‌ها و برای نمونه‌های تازه از فلس دمی و خون آن‌ها صورت گرفت. استخراج DNA با استفاده از روش‌های استاندارد نمکی، کلاسیک فنول-کلروفرم (Sambrook & Russell, 2006) و کیت استخراج Qiagen انجام شد.

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)

در این مطالعه از ژن میتوکندریایی سیتوکروم b برای بررسی روابط تبارشناختی استفاده شد. تکثیر این ژن با استفاده از آغازگر پیشرو Glu-DG و آغازگر پسرو Peil (Palumbi et al., 1991; Engstrom et al., 2007) انجام شد. در تمامی حالات حجم کلی مخلوط PCR ۲۵ میکرولیتر (شامل: ۱۲/۵میکرولیتر مسترمیکس، ۹/۵ میکرولیتر آب و ۱ میکرولیتر آغازگر پیشرو و آغازگر پسرو و ۱ میکرولیتر DNA) بود. واکنش PCR در دستگاه‌های Bio-Rad (USA) صورت گرفت. چرخه دمایی برای تکثیر عبارت بود از چرخه اولیه ۹۴ درجه سانتی‌گراد در ۲ دقیقه، ۳۵ چرخه از ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای ۳۰ ثانیه، ۴۹ درجه سانتی‌گراد برای ۴۰ ثانیه، ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای ۱ دقیقه و چرخه نهایی ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای ۵ دقیقه. محصولات PCR به دست آمده پس از بررسی کیفیت توسط ژل آگارز ۱ درصد، توسط شرکت ماکروژن کره‌ی جنوبی (Macrogene, Seoul, South Korea) توالی‌یابی شدند.

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

آنالیز داده‌ها

در این تحقیق ابتدا توالی‌ها با کمک نرم افزار Codon code aligner v.6.0.2 (Codon Code Corporation, Dedham, MA, USA) ویرایش گردید و در ادامه از نرم افزارهای MEGA v.6 (Tamura et al., 2013) جهت هم ردیف سازی توالی‌ها استفاده شد. سپس توالی‌ها به صورت دستی کنترل شدند. بهترین مدل تکاملی بوسیله نرم افزار jModeltest 0.1 (Posada, 2008) تعیین شد. درخت بیشینه احتمال (Maximum Likelihood) با استفاده از نرم افزار RaxML v.7.2 (Stamatakis, 2006) و با Bootstrap ۱۰۰۰ تحت مدل GTRGAMMA انجام شد. آنالیز Bayesian با بهره‌گیری از نرم افزار Mr.Bayes v.3.2 (Huelsenbeck & Ronquist, 2001) انجام گردید. آنالیزها برای ۱×۱۰۶ نسل اجرا شد و در هر ۱۰۰ نسل یک درخت ذخیره گردید. در انتها ۱۰ درصد درخت‌ها حذف شدند (Burn in). گونه *S. hardwikii* به عنوان گروه خارجی (Outgroup) در ترسیم درخت مورد استفاده قرار گرفت. جهت ترسیم شبکه هاپلوتایپی پارسیمونی ازنرم افزار TCS v.1.21 (Clement et al., 2000) استفاده شد. شاخص‌های تنوع شامل تعداد هاپلوتایپ (H)، تنوع هاپلوتایپی (Hd)، تنوع نوکلئوتیدی (π) با استفاده از نرم افزار Arlequin v.3.5 (Excoffier & Lischer, 2010) تعیین شد.

مدل‌سازی توزیع سوسمار خاردم ایرانی در شرایط تغییر اقلیم

روش جمع‌آوری نقاط حضور و داده‌های اقلیمی

در این مطالعه در مجموع ۴۱ نقطه حضور از سوسمار خاردم ایرانی در زیستگاه‌های مختلف این گونه در ایران جمع‌آوری گردید (شکل ۱) که ۱۱ نقطه حاصل مشاهده مستقیم نگارندگان و ثبت با دستگاه GPS بوده و سایر نقاط از پایگاه الکترونیکی مرکز اطلاعات تنوع زیستی (Global Biodiversity Information Facility) (www.GBIF.org)، مقالات داخلی (Akbari et al., 2011; 2014) و مقالات منتشر شده خارجی (Anderson, 1999; Wilms et al., 2009) است. بانک اطلاعات جهانی در مقیاس‌های مکانی مختلف (30 ثانیه تا 10 دقیقه) با ۱۹ متغیر اقلیمی (جدول ۲) شامل روندهای سالیانه، فصلی و آستانه‌ها از سال ۲۰۰۵ در دسترس کاربران قرار گرفته است (Miller, 2010; Hijmans et al., 2005). در مطالعه حاضر از داده‌های اقلیمی کنونی (۱۹۷۰-۲۰۰۰) و طرح راهنما (Representative Concentration Pathways) RCP پنجمین گزارش ارزیابی IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change) پایگاه داده‌های اقلیمی جهانی (http://www.worldclim.org) استفاده شده است. طرح‌های راهنما آینده شامل RCP2.6 و RCP6.0 است که به ترتیب نماینده طرح راهنما خوشبینانه و بدبینانه در روند تغییر اقلیم هستند. تمام لایه‌های مورد استفاده دارای اندازه سلول ۳۰ ثانیه (۱ کیلومتر) هستند. در ادامه به‌منظور انتخاب متغیرهای مستقل و وابسته تأثیرگذار بر توزیع *S. asmussi* با برنامه‌نویسی در محیط نرم افزار R آزمون پیرسون با ضریب دقت ۰/۷۵انجام شد. در این تحقیق از نرم‌افزار برنامه‌نویسی و محاسبات آماری R (R version 3.5.1) و بسته *sdm* (Naimi & Araújo, 2016) به عنوان ابزار مدل‌سازی استفاده شد. این بسته شامل: مدل خطی تعمیم یافته (Generalized Linear Models)، مدل افزایشی تعمیم یافته (Generalized Additive Models)، رگرسیون درختی پیشرفته (Boosted Regression Tree)، مدل جنگل تصادفی (Random Forests)، مدل رگرسیون سازشی چند متغیره (Multivariate Adaptive Regression Splines)، مدل درختی رگرسیونی و طبقه‌بندی (Classification and Regression Trees)، مدل آنالیز تفکیکی انعطاف‌پذیر (Flexible Discriminant Analysis) و در نهایت مدل همادی (Ensemble) به عنوان یک مدل ترکیب پیش‌بینی‌های مختلف است. ایده ترکیب پیش بینی‌های مختلف جهت بهبود دقت و کاهش عدم قطعیت مدل‌های منفرد از دیرباز مورد توجه محققان مختلف بوده است (Clemen, 1989; Armstrong, 2001) که به پیش‌بینی Ensemble معروف است. این رویکرد در سال 2007 توسط New و Araújo به عنوان مدل‌سازی توزیع گونه‌ای معرفی گردید (Araújo & New, 2007). در گام آخر مدل‌سازی، پس از اجرای مدل‌ها، کارایی پیش‌بینی تمام الگوریتم‌های اجرا شده با استفاده از روش‌های ROC (Receiver-Operating Characteristic) و TSS (True Skill Statistic) مورد ارزیابی قرار گرفت. TSS نیز به عنوان روشی که منعکس کننده پدیده اکولوژیکی واقعی به جای یک مصنوع آماری است معرفی شده است (Allouche et al., 2006). آزمون AUC نیز در حقیقت ناحیه زیر سطح نمودار ROC است (Manel et al., 2001) که دومین نوع از معیارهای ارزیابی دقت را تشکیل می‌دهد و به عنوان یک شاخص کارآمد مستقل از حد آستانه برای بررسی کارایی مدل‌ها است (Miller, 2010).

نتایج

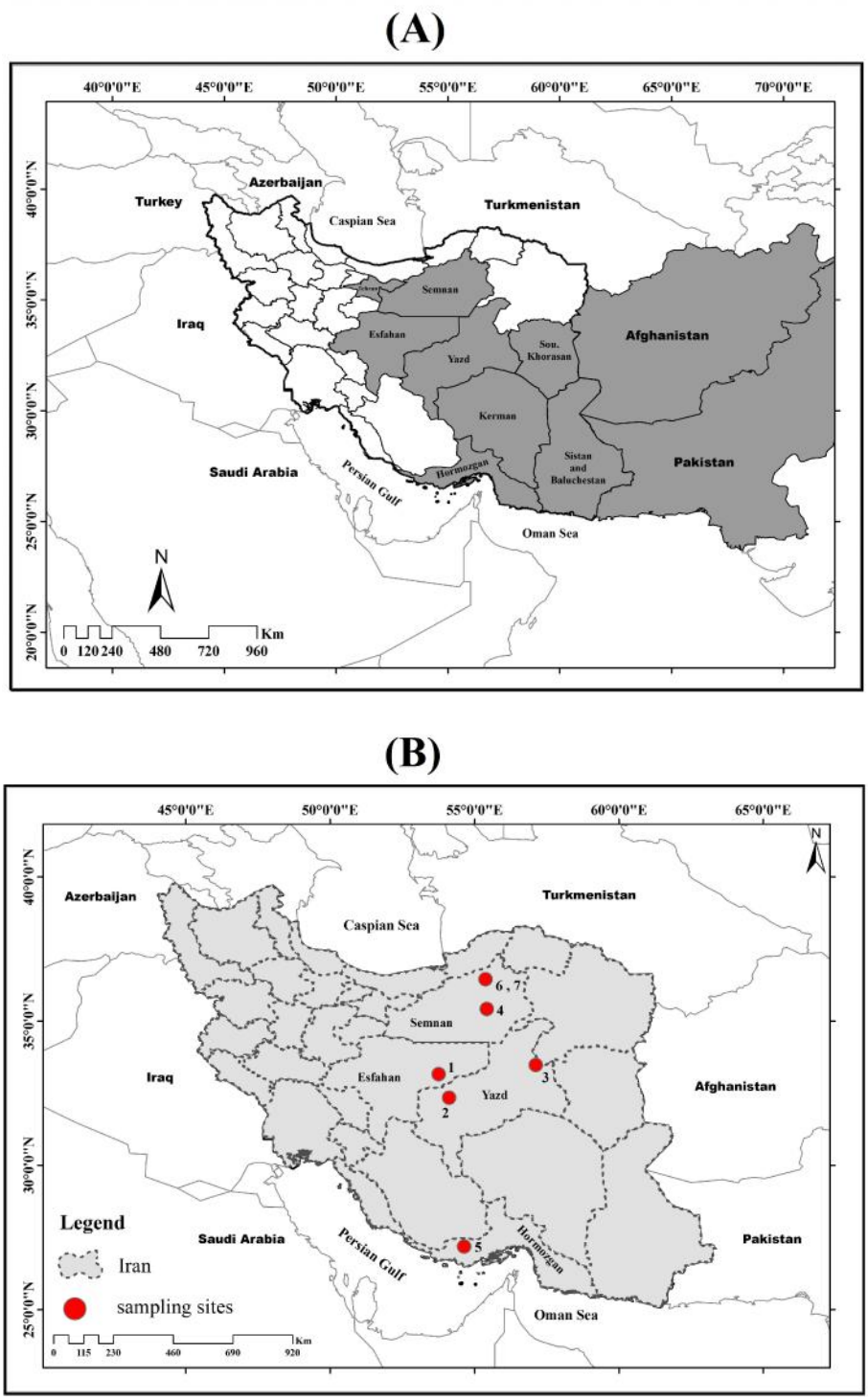
مطالعات ژنتیکی درون گونه‌ی سوسمار خاردم ایرانی

براساس نمونه‌های به دست آمده از این پژوهش مدل HKY+G به‌عنوان مناسب‌ترین مدل تکامل مولکولی شناخته شد. درخت‌های

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]

[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]



شکل ۱- نقشه پراکنش و نمونه‌برداری *Saara asmussi* **A**. نقشه پراکنش جهانی *Saara asmussi* **B**. نقشه ایستگاه‌های نمونه برداری *Saara asmussi* در ایران (۱-نایین، ۲- اردکان، ۳- روستای معظم آباد، ۴- طرود، ۵- بستک، ۶،۷- شاهرود).

Fig. 1. Map of distribution *and* sampling for *Saara asmussi*. **A.** Global distribution map for *Saara asmussi.* **B.** Map of sampling sites of *Saara asmussi* in Iran (1-Naeen, 2-Ardakan, 3-Moaazam Abad Village, 4-Torud, 5-Bastak, 6,7-Shahrud).

جدول ۱- جدول مشخصات نمونه‌های مورد مطالعه در این پژوهش شامل کد نمونه، محل جمع‌آوری و مختصات جغرافیایی.

Table 1. List of samples used for genetic analyses in this study, including codes, localities and geographical coordinates.

کدنمونه	محل جمع‌آوری		مختصات جغرافیایی	
	شهرستان	استان	عرض جغرافیایی	طول جغرافیایی
Saas01	نایین	اصفهان	33.18	53.86
Saas02	اردکان	یزد	32.31	54.00
Saas03	روستای معظم آباد	یزد	33.61	56.92
Saas04	طرود	سمنان	35.42	55.10
Saas05	بستک	هرمزگان	27.20	54.37
Saas06	شاهرود	سمنان	36.41	55.11
Saas07	شاهرود	سمنان	36.41	55.11

جدول ۲- متغیرهای اقلیمی مورد استفاده برای تهیه مدل توزیع گونه‌ای سوسمار خاردم ایرانی.

Table 2. The applied bioclimatic variables to create the distribution model of Iranian spiny-tailed lizards.

متغیر	عنوان	متغیر	عنوان
BIO1	دمای متوسط سالانه	BIO11	دمای متوسط سردترین فصل
BIO2	میانگین دمای روزانه	BIO12	بارندگی سالانه
BIO3	میانگین دمای مطلق هوا	BIO13	بارش مرطوب‌ترین ماه سال
BIO4	دمای فصلی	BIO14	بارش خشک‌ترین ماه سال
BIO5	حداکثر درجه حرارت گرم‌ترین ماه سال	BIO15	بارش فصلی
BIO6	حداقل دما در سردترین ماه سال	BIO16	بارش در مرطوب‌ترین فصل
BIO7	محدوده دمای سالانه	BIO17	بارش در خشک‌ترین فصل
BIO8	متوسط دمای فصل مرطوب	BIO18	بارش در گرم‌ترین فصل
BIO9	متوسط دمای فصل خشک	BIO19	بارش در سردترین فصل
BIO10	متوسط دمای گرمترین فصل		

به دست آمده برای ۷ نمونه با طول توالی ۶۵۹ جفت باز رسم شدند. همانگونه که در درخت تبارشناختی (شکل ۲) قابل مشاهده است نمونه بستک هرمزگان (Saas05) از دیگر نمونه‌ها مجزا شده و نمونه‌های طرود در سمنان، اردکان و طبس در یزد و نایین در اصفهان در یک کلاد قرار گرفتند. هرچند که نمونه‌های شاهرود (Saas06 وSaas07) نیز در کلاد اصلی اندکی ازسایر نمونه‌ها مجزا گردیده است. از آنجا که درخت‌های رسم شده دارای توپولوژی یکسان هستند، تنها درخت ML ارائه گردیده است.

همان‌طور که نتایج شبکه هاپلوتایپی نشان می‌دهد گونه سوسمار خاردم ایرانی تنها شامل یک هاپلوگروپ به همراه چهار هاپلوتایپ است. هاپلوتایپ مرکزی شامل سه فرد (Saas01, Saas03, Saas04) است و بیش‌ترین فراوانی نیز مربوط به این هاپلوتایپ است. هاپلوتایپ دو و چهار به ترتیب شامل یک فرد (Saas02) و دو فرد (Saas06, Saas07) بوده است. نمونه (Saas05) با هاپلوتایپ‌های از دست رفته یا نقاط نمونه‌برداری نشده زیادی از هاپلوتایپ مرکزی مشاهده می‌شود (شکل ۳).

شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون این گونه بدین صورت ارزیابی شد: H= ۴، Hd= ۰/۸۱ و π= ۰/۰۰۲.

پیش‌بینی توزیع سوسمار خاردم ایرانی در شرایط تغییر اقلیم

نتایج آزمون پیرسون با ضریب دقت ۰/۷۵ و درجه اهمیت متغیرهای انتخاب شده در شکل ۴ آمده است. همان‌طور که در این شکل نشان داده شده است، پراهمیت‌ترین متغیر دمای متوسط سردترین فصل سال است. میانگین عملکرد هر مدل مطابق شکل ۵ ارزیابی شده است. شاخص AUC وضعیت بهتری را برای مدل‌های مورد استفاده نشان داده است و به نظر می‌رسد شاخص TSS شاخص سختگیرانه‌تری در صحت سنجی مدل‌ها به‌خصوص برای مدل RF در شرایط حاضر است. همچنین در مجموع با توجه به هر دو شاخص صحت‌سنجی به نظر می‌رسد مدل GLM دارای اعتبار به مراتب بیش‌تری نسبت به سایر مدل‌های مورد استفاده در تجزیه و تحلیل‌ها است. کم‌ترین میزان

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

عددی صحت‌سنجی توسط شاخص TSS برای مدل RF و بیش-ترین میزان عددی صحت‌سنجی را شاخصAUC برای مدل GLM نشان داده است نتایج تمام مدل‌ها در شرایط اقلیمی حاضر (شکل ۶) نشان می‌دهد به‌طور عمده بخش‌هایی از استان-های سیستان و بلوچستان و کرمان به‌عنوان مناطقی با پتانسیل بالا برای توزیع این گونه هستند. همچنین مدل همادی در شرایط اقلیمی کنونی لکه‌هایی در مرز استان سمنان و اصفهان را نیز به‌عنوان مناطقی با مطلوبیت بالا مشخص کرده است. مطابق مدل همادی طرح راهنما RCP2.6 که این مدل با عدم قطعیت به مراتب کم‌تری از سایر مدل‌های منفرد به پیش‌بینی توزیع گونه‌ای می‌پردازد (شکل ۷)، لکه‌هایی در استان سیستان و بلوچستان، کرمان و یزد به‌عنوان بهترین مناطق برای توزیع این گونه در سال ۲۰۵۰ پیش‌بینی شده است. علاوه بر این محدوده-های مطلوب پیش‌بینی شده برای توزیع *S. asmussi* طبق طرح راهنما RCP6.0 در سال ۲۰۵۰ شامل لکه‌هایی در غرب و شرق استان سیستان و بلوچستان، لکه‌هایی در شمال شرق و جنوب استان کرمان، شرق استان یزد و شمال استان اصفهان است (شکل ۸).

بحث

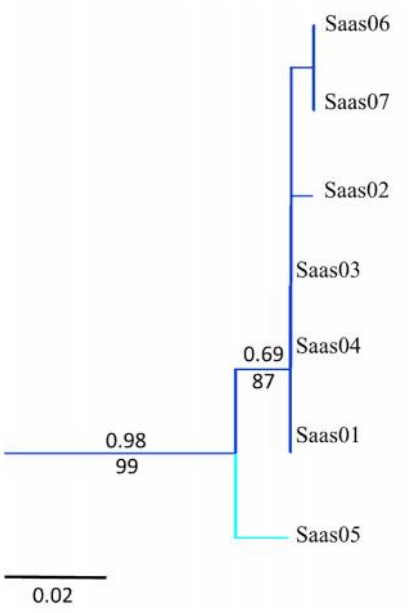
در این مطالعه سعی شد تا گونه سوسمار خاردم ایرانی از نظر ژنتیکی مورد بررسی قرار گیرد و اثرات تغییر اقلیم روی توزیع این گونه با استفاده از طرح‌های راهنما متفاوت مطالعه شود.

در این پژوهش از مجموع نمونه‌های جمع‌آوری شده برای سوسمار خاردم ایرانی، نمونه‌هایی که در بخش مرکزی پراکنش این گونه قرار گرفته‌اند شامل نمونه‌های شاهرود، طرود در استان سمنان، اردکان و طبس در استان یزد و نایین در استان اصفهان در یک گروه قرار گرفته و تنها نمونه بستک هرمزگان نسبت به سایر نمونه‌های محدوده پراکنش مجزا شده است (شکل ۲). این تفاوت می‌تواند بدین جهت باشد که نمونه بستک (هرمزگان) از لحاظ جغرافیایی فاصله زیادی از سایر نمونه‌های مورد مطالعه دارد. همچنین نتایج شبکه هاپلوتایپی درون این گونه نتایج درخت به‌دست آمده را مورد تایید قرار می‌دهد. با توجه به اینکه هاپلوتایپ مرکزی سوسمارخاردم ایرانی مربوط به بخش مرکزی پراکنش این گونه است احتمال می‌رود که هاپلوتایپ‌های قدیمی این گونه مربوط به این مناطق بوده و سپس گسترش یافته است. با توجه به اینکه این مطالعه تنها براساس تعداد محدودی نمونه (هفت نمونه) انجام شده است، بنابراین این احتمال وجود دارد که در صورت افزایش تعداد نمونه‌ها، میزان تنوع و تعداد هاپلوتایپ‌ها افزایش یابد.

مطالعه روابط تبارشناختی گونه‌های مختلف موجود در فلات ایران نشان داد که رویدادهای زمین شناسی منجر به الگوی توپوگرافی این فلات شده و به دنبال آن تکامل خزندگان در این منطقه رخ داده است (Macey et al., 1998; Rastegar Pouyani et al., 2010). مطالعات دیگری بر روی چندین گونه از خزندگان فلات ایران (مولکولی و ریخت شناسی) صورت گرفته که تنوع بالایی را درون این گونه‌ها نشان می‌دهد. یکی از گونه-های مطالعه شده در این ناحیه گونه *Phrynocephalus scutellatus* است که توزیع جغرافیایی گسترده‌ای در فلات ایران داشته است. براساس مطالعات مختلف برای این گونه چند واحد تاکسونومیک مختلف تشخیص داده شد (Gray, 1845; Blanford, 1876; Anderson, 1999). بنابراین *P. scutellatus* به‌عنوان گونه کمپلکس مورد توجه است. بر اساس آنالیزهای مولکولی در گونه کمپلکس *P. scutellatus* در ایران ۴ دودمان از یکدیگر متمایز در این گونه وجود دارد (Rahimian et al., 2015). گونه *Eremias persica* آرایه گسترده دیگری در فلات ایران است که بدلیل زندگی در زیستگاه‌های متنوع در فلات ایران از لحاظ ژنتیکی، ریخت شناسی و اکولوژیکی دارای تنوع است (Szczerbak, 1974, 2003; Arnold, 1986; Anderson, 1999; Rastegar Pouyani et al., 2010). اطلاعات ریخت‌شناسی و ژنتیکی نشان داد که این گونه کمپلکس بوده و درون آن ۴ گونه و ۲ زیرگونه وجود دارد (Rastegar Pouyani et al., 2010). با نظر به اینکه پراکنش گونه *S. asmussi* مانند دو گونه ذکر شده در بالا است و با توجه به تنوع بالای زمین‌شناسی فلات ایران و گستردگی پراکنش این احتمال می‌رود که درصورت افزودن نمونه‌های بیش‌تر از این گونه تنوع بیش‌تری از این گونه به دست آید.

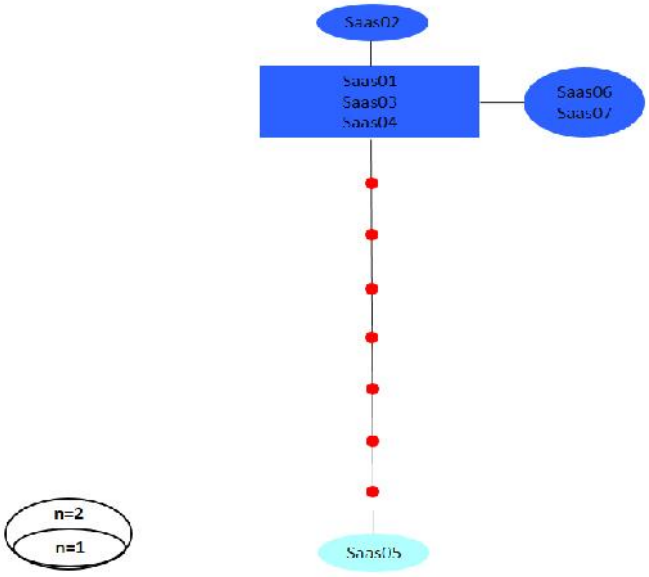
نتایج مدل‌سازی توزیع گونه‌ای در شرایط اقلیمی حاضر با عملیات میدانی نویسندگان این مقاله در زیستگاه‌های این گونه همخوانی دارد. مدل ارائه شده مناطقی با قابلیت بالقوه اکولوژیکی سوسمار خاردم ایرانی در نواحی جنوب و فلات مرکزی ایران را نشان می‌دهد. همانگونه که قابل انتظار بود مدل همادی در شرایط کنونی شکافی بین جمعیت این دو ناحیه نشان داده و در مرکز و شرق فلات ایران هیچ سوسمار خاردمی یافت نمی‌شود. علت عدم حضور این سوسمار در این نواحی را می‌توان به ناحیه بیابانی شنی و ماسه‌ای دشت لوت و دشت کویر که مانع از پراکنش گونه به این مناطق شده‌اند، نسبت داد. در شمال شرق فلات ایران، دشت کویر به ناحیه سیستان و هلمند در کرانه شرق ایران و افغانستان متصل می‌شود و یک مانع ارتفاعی کوتاه به وجود می‌آورد که احتمال دارد بتواند از ورود این گونه به نواحی شمال شرق

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]



شکل ۲- درخت تبارشناختی گونه *Saara asmussi*. اعداد نمایش داده شده بر روی شاخه‌ها نشان‌دهنده Posterior probabilities بالای ۰/۵ در درخت BI (در بالای شاخه‌ها)، Bootstrap با ارزش بالای ۵۰ درصد برای درخت ML (در پایین شاخه‌ها) است. در اینجا ریشه‌ی درخت *S. hardwickii* نمایش داده نشده است.

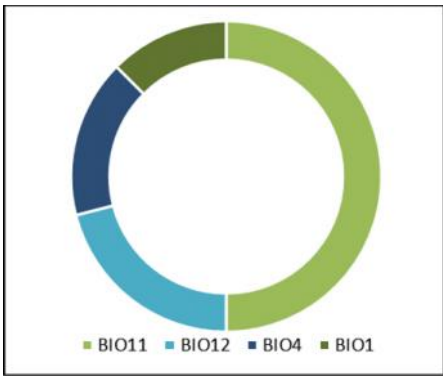
Fig. 2. Phylogenetic tree of *Saara asmussi*. Numbers on branches indicate values over 0.5 for Bayesian posterior probabilities (above branches), bootstrap support values over 50% for ML (below branches). In this tree, the outgroup *S. hardwickii* is not depicted.



شکل ۳- شبکه آماری پارسیمونی بر اساس ژن میتوکندریایی سیتوکروم b، ارتباط درون گونه *Saara asmussi* در ایران را نشان می‌دهد. نقاط قرمز نشان دهنده هاپلوتایپ‌های از دست رفته یا نقاط نمونه برداری نشده است.

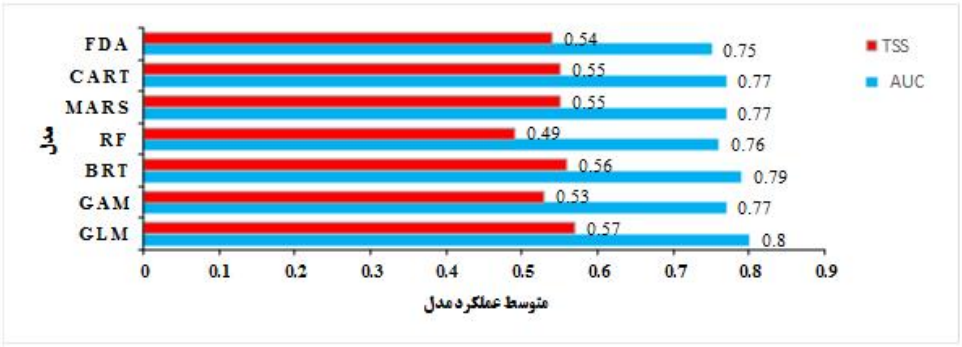
Fig. 3. Statistical parsimony network, based on mitochondrial cytochrome b, represents the relationship among haplotypes of *Saara asmussi* .Red dots represent step mutations.

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]



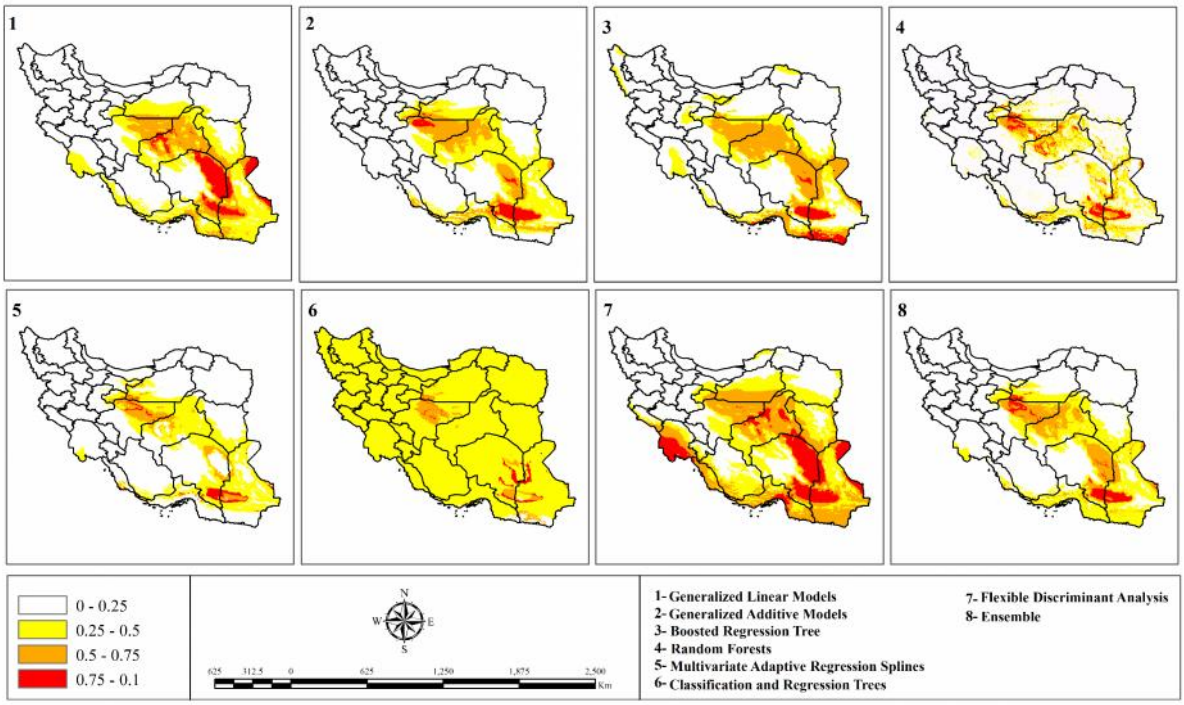
شکل ۴- درجه اهمیت متغیرهای منتخب.

Fig. 4 .The importance of selected variables



شکل ۵- ارزیابی عملکرد مدل‌ها.

Fig. 5. Assessing model performance.

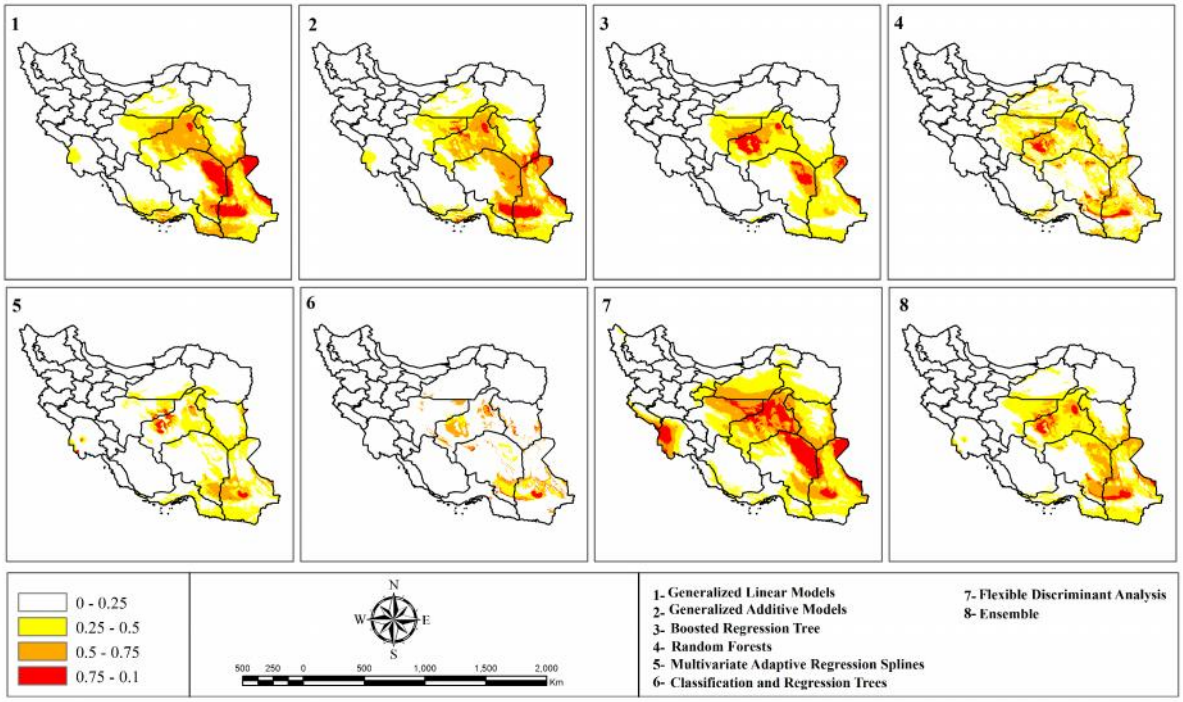


شکل ۶- پیش‌بینی توزیع *Saara asmussi* بر اساس شرایط اقلیمی کنونی در ایران.

Fig. 6. Predicting *Saara asmussi* distribution based on current climatic conditions in Iran.

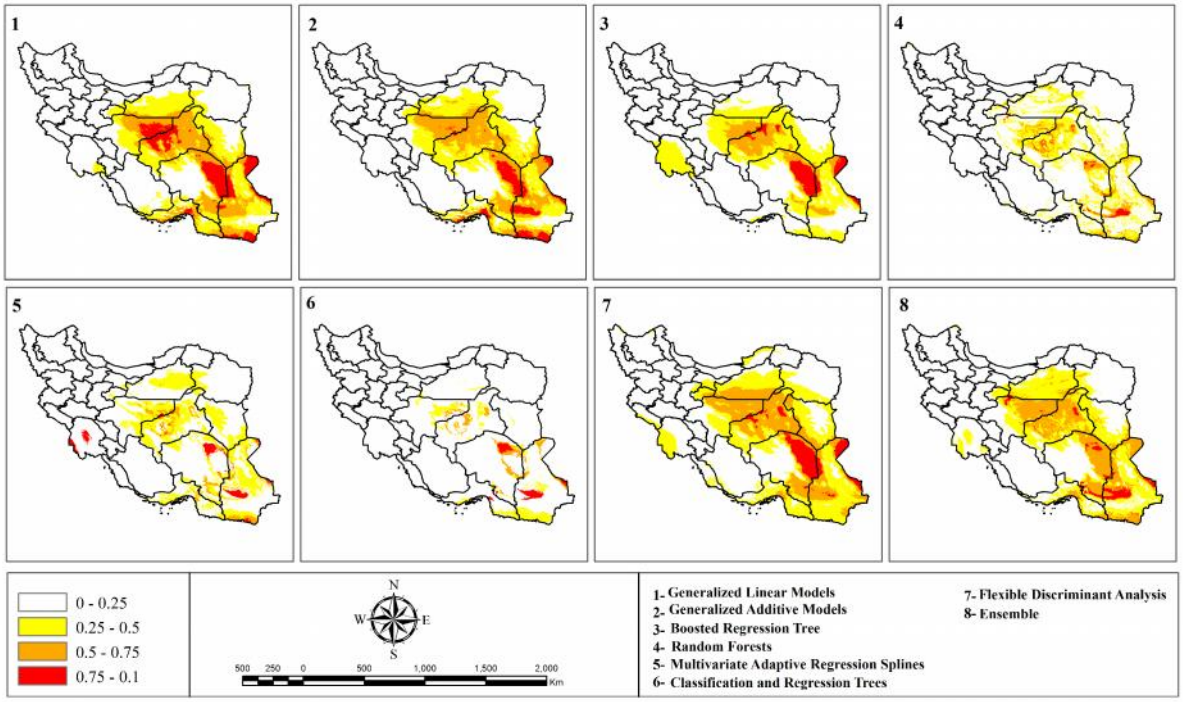
[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]



شکل ۷- پیش‌بینی اثرات تغییر اقلیم بر توزیع *Saara asmussi* بر اساس طرح راهنما RCP2.6 در سال ۲۰۵۰ در ایران.

Fig. 7. Predicting climate change effects on the distribution of *Saara asmussi* based on RCP2.6 scenario in Iran by the year 2050.



شکل ۸- پیش‌بینی اثرات تغییر اقلیم بر توزیع *Saara asmussi* بر اساس طرح راهنما RCP6.0 در سال ۲۰۵۰ در ایران.

Fig. 8. Predicting climate change effects on the distribution of *Saara asmussi* based on RCP6.0 scenario in Iran by the year 2050.

فلات ایران جلوگیری نماید. بنابراین به نظر می‌رسد با به‌وجود آمدن بیابانی بزرگ در مرکز ایران، زیستگاهی نه چندان مناسب بیابانی این دو جمعیت موجود در نواحی جنوب و فلات مرکزی ایران را به یکدیگر متصل کرده که سبب شده تا در بخش‌های مرکز، شرق و شمال شرق فلات ایران زیستگاهی مناسب برای سوسمار خاردم ایرانی وجود نداشته باشد. این طور انتظار می‌رود که این الگوی توپوگرافی فلات ایران باعث واگرایی جمعیت‌ها و گونه‌هایی شود که در آن قرار گرفته‌اند (Macey et al., 1998). علاوه بر این، مطابق پیش‌بینی‌های صورت گرفته به نظر می‌رسد در سال ۲۰۵۰ بر اساس طرح راهنما RCP2.6 لکه‌های زیستگاهی مطلوب این گونه کاهش یافته و تمرکز جمعیت‌های این گونه در بخش‌های شرق و غرب استان سیستان و بلوچستان، شرق و جنوب استان کرمان، شرق و غرب استان یزد و زیستگاه‌های مطلوب اندکی در شرق استان اصفهان باشد اما طرح راهنما RCP6.0 برای سال ۲۰۵۰ تعداد لکه‌های زیستگاهی بیش‌تری را پیش‌بینی نموده و مناطق شرق و غرب استان سیستان و بلوچستان، شمال شرق، شرق و جنوب استان کرمان، شمال شرق استان یزد و شمال غرب استان اصفهان را به عنوان مناطقی دارای پتانسیل توزیع گونه‌ای در آینده نشان می‌دهد. مقایسه پیش‌بینی مناطق مطلوب در شرایط کنونی و تحت طرح‌های راهنما آینده RCP2.6 و RCP6.0 نشان داد به طور کلی نسبت مساحت لکه‌های پیش‌بینی شده سال ۲۰۵۰ (هر دوطرح‌های راهنما) در مقایسه با مساحت لکه‌های زیستگاهی پیش‌بینی شده در شرایط اقلیمی کنونی به طور قابل مشاهده‌ای کاهش خواهد یافت. به بیان روشن‌تر لکه زیستگاهی که در محدوده پارک ملی کویر در مرز سه استان اصفهان، سمنان و قم در شرایط اقلیمی کنونی پیش‌بینی شده و مساحت قابل توجهی در بر گرفته است، در سال ۲۰۵۰ علاوه بر کاهش مساحت، طبق طرح راهنما RCP2.6به عرض‌های جغرافیایی پایین‌تر در مرز استان اصفهان و یزد و طبق طرح راهنما RCP6.0 به شمال استان اصفهان محدود خواهد شد. همچنین لکه زیستگاهی که با مساحت قابل توجهی در مرز استان کرمان و سیستان و بلوچستان برای شرایط اقلیمی کنونی پیش‌بینی شده، طبق مدل پیش‌بینی سال ۲۰۵۰ به لکه‌ای با وسعت کم‌تر مبدل می‌گردد. علاوه بر این مطابق آنچه در مدل همادی شکل‌های ۷ و ۸ قابل مشاهده است، لکه‌های زیستگاهی مطلوبی با وسعت اندک برای این سوسمار در شرق استان سیستان و بلوچستان (شهرستان خاش)، شرق استان یزد، شرق استان کرمان در سال ۲۰۵۰ وجود خواهد داشت در حالی که مدل همادی برای شرایط اقلیمی کنونی این لکه‌ها را با مطلوبیت کم تا متوسط پیش‌بینی کرده است. بنابراین به نظر می‌رسد این لکه‌های کوچک زیستگاهی پارامترهای اقلیمی مطلوب برای سوسمار خاردم را در سال ۲۰۵۰ در بر خواهند گرفت و تغییرات زیستگاهی این گونه به سمت این مناطق خواهد بود.

به‌طورکلی همان‌طور که نتایج حاصل از مطالعات ژنتیکی نشان داد نمونه بستک در هرمزگان با فاصله ژنتیکی بیش‌تری از سایر نمونه‌ها قرار گرفته است که با پیش‌بینی مدل همادی مبنی بر اینکه بین زیستگاه‌های شمال غربی و جنوبی سوسمار خاردم ایرانی شکافی ایجاد شده که منجر به جدایی این دو زیستگاه از هم شده است، مطابقت دارد. بنابراین به نظر می‌رسد این تفاوت ژنتیکی حاصل جدایی زیستگاه برای این گونه باشد. انتظار می‌رود که با افزایش داده‌های ژنتیکی از گونه سوسمار خاردم ایرانی بتوان تنوع ژنتیکی این گونه را بهتر مورد ارزیابی قرار داد.

نتیجه‌گیری

در این مطالعه به بررسی وضعیت سوسمار خاردم ایرانی از دیدگاه ژنتیکی پرداخته شد و اثر تغییر اقلیم روی توزیع این گونه با استفاده از طرح‌های راهنما متفاوت مورد بررسی قرار گرفت. نتایج مطالعات مولکولی نشان داد که تنها نمونه بستک در هرمزگان با فاصله ژنتیکی بیش‌تری از سایر نمونه‌ها قرار گرفته است و نتایج شبکه هاپلوتایپی ترسیم شده برای نمونه‌های *S. asmussi* با ژن سیتوکروم b نشان داد که هاپلوتایپ مرکزی این گونه محدود به فلات مرکزی ایران است. از طرفی دیگر پیش‌بینی مدل‌های توزیع گونه‌ای مناطقی در جنوب و فلات مرکزی ایران را نشان می‌دهد که دارای بیش‌ترین پتانسیل توزیع برای سوسمار خاردم ایرانی بوده است. بنابراین از نتایج به دست آمده می‌توان این طور استنباط کرد که علت جدایی ژنتیکی نمونه‌های دو ناحیه‌ی جنوب و فلات مرکزی ایران و همچنین علت عدم حضور این سوسمار در مرکز فلات ایران با توجه به نتایج پیش‌بینی مدل‌های توزیع گونه‌ای، به دو ناحیه بیابانی شنی و ماسه‌ای دشت لوت و دشت کویر مربوط است که به عنوان موانع فیزیکی پراکنش عمل می‌کنند (Macey et al., 1998). هر چند که برای اثبات دقیق‌تر این نکته نیازمند بررسی‌های ژنتیکی گسترده‌تر است.

سپاسگزاری

از آقایان حاج قلی کمی، بهزاد زادهوش و همچنین محمد ابراهیم صحتی کارشناس اداره کل حفاظت محیط زیست استان کرمان که در جمع‌آوری نمونه‌های موجود در فلات ایران کمک ارزنده‌ای نمودند و از تمام کسانی که در انجام این تحقیق ما را یاری رساندند، تشکر می‌گردد.

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

REFERENCES

Ahmadzadeh, F., Carretero, M.A., Rödder, D., Harris, D.J., Freitas, S.N., Perera, A. & Böhme, W. 2013. Inferring the effects of past climate fluctuations on the distribution pattern of *Iranolacerta* (Reptilia, Lacertidae): Evidence from mitochondrial DNA and species distribution models. Zool. Anz. 252: 141-148.

Akbari, H., Jalalpour, M., Hojati, V. & Golmohammadi, M.S. 2011. The study of reptiles and birds of Abbas Abad wildlife refuge in Naein, Isfahan province. J. Animal Biol. 3: 1-12.

Akbari, H., Varasteh Moradi, H., Baghestani, N. & Rezaei, H.R. 2014. Food preferences and composition of Chinkara (*Gazella bennettii shikarii*) in spring season in Darreh Anjir wildlife refuge, Yazd, Iran. Arid Biom. 4: 1-9.

Allouche, O., Tsoar, A. & Kadmon, R. 2006. Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). J. Appl. Ecol. 43: 1223-1232.

Amer, S.A.M. & Kumazawa, Y. 2005. Mitochondrial DNA sequences of the Afro-Arabian spiny-tailed lizards (genus *Uromastyx*, family Agamidae): phylogenetic analyses and evolution of gene arrangements. Biol. J. Linn. Soc. 85: 247-260.

Ananjeva, N.B., Orlov, N.L., Khalikov, R.G., Darevsky, S.I., Ryabov, S.A. & Barabanov, A.V. 2006. The reptiles of Northern Eurasia. Pensoft Ser. Faunist. 47 pp.

Anderson, S.C. 1974. Preliminary key to the turtles, lizards and amphisbaenians of Iran. Fielddiana Zool. 65: 27-44.

Anderson, S.C. 1999. The lizards of Iran. Society for the study of amphibians and reptiles (SSAR). Oxford, Ohio. pp: 1-442.

Araújo, M.B. & New, M. 2007. Ensemble forecasting of species distributions. Trends Ecol. Evol. 22: 42-47.

Araújo, M.B., Whittaker, R.J., Ladle, R.J. & Erhard, M. 2005. Reducing uncertainty in projections of extinction risk from climate change. Global Ecol. Biogeogr. 14: 529-538.

Armstrong, J.S. 2001. Combining forecasts. Principles of forecasting. Kluwer Academic Publishers, Springer. 30: 417-439.

Arnold, E.N. 1986. The hemipenis of lacertid lizards (Reptilia: Lacertidae): structure, variation and systematic implications. J. Nat. Hist. 20: 1221-1257.

Bellwood, D.R., Hoey, A.S. & Choat, J.H. 2003. Limited functional redundancy in high diversity systems: resilience and ecosystem function on coral reefs. Ecol. Lett. 6: 281-285.

Blanford, W.T. 1876. Eastern Persia, an account of the journeys of the Persian boundary commission. Zoo. Geo. 2: 1870-1872.

Buckley, L.B. & Roughgarden, J. 2006. Climate, competition, and the coexistence of island lizards. Funct. Ecol. 20: 315-322.

Clemen, R.T. 1989. Combining forecasts: A review and annotated bibliography. Int. J. Forecasting 5: 559-583.

Clement, M., Posada, D. & Crandall, K. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. Mol. Ecol. 9: 1657-1660.

Davies, T.J. & Buckley L.B. 2011. Phylogenetic diversity as a window into the evolutionary and biogeographic histories of present-day richness gradients for mammals. Phil. Trans. R. Soc. B. 366: 2414-2425.

Ebrahimi, E. 2018. Determination of habitat hotspots for common mammals using species distribution models. Shahid Beheshti University. M.Sc. Thesis. 182 pp.

Elith, J., Graham, C.H., Anderson, R.P., Dudik, M., Ferrier, S., Guisan, A., Hijmans, R.J., Huettmann, F., Leathwick, J.R., Li, J., Lohmann, L.G., Loiselle, B.A., Man-ion, G., Moritz, C., Nakamura, M., Nakazawa, Y., Overton, J.M.M., Peterson, A.T., Phillips, S.J., Richardson, K., Scachetti-Pereira, R., Schapir, R.E., Soberón, J., Williams, S., Wisz, M.S. & Zimmermann, N.E. 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. Ecography 29: 129-151.

Engstrom, T.N., Edwards, T., Osentoski, M.F. & Myers, E.M. 2007. A compendium of PCR primers for mtDNA, microsatellite, and other nuclear loci for freshwater turtles and tortoises. Chelon. Res. Monogr. 4: 124-141.

Excoffier, L. & Lischer, H.E.L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Mol. Ecol. Resour. 10: 564-567.

Gaston, K.J. 2003. The Structure and Dynamics of Geographic Ranges. Oxford University Press, 99 pp.

Gaston, K.J. & Spicer, J.I. 2004. Biodiversity: an introduction. Blackwell Science Ltd. 2nd Edition. 208 pp.

Global Climate Data, 2005. Published on the Internet https://www. worldclim.org [accessed March 2019]

Gray, J.E. 1845. Catalogue of the specimens of lizards in the collection of the British museum. British Museum (Natural History), London B.M. (N.H.), 289 pp.

Guisan, A. & Thuiller, W. 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. Ecol. Lett. 8: 993-1009.

Hijmans, R.J., Cameron, S.E., Parra, J.L., Jones, P.G. & Jarvis, A. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. Int. J. Climatol. 25: 1965-1978.

Hoser Raymond, T. 2014. A long overdue taxonomic rearrangement of the Uromastycinae, Squamata, Sauria, Agamidae. Aust. J. Herpetol. 23: 54-64.

Huelsenbeck, J.P. & Ronquist, F. 2001. MR-BAYES: Bayesian inference of phylogeny. Bioinformatics 17: 754-75.

Huntley, B., Green, R.E., Collingham, Y.C., Hill, J.K., Willis, S.G., Bartlein, P.J., Cramer, W., Hagemeijer, W.J. & Thomas, C.J. 2004. The performance of models relating species geographical distributions to climate is independent of trophic level. Ecol. Lett. 7: 417-426.

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]
[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]

[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]

Jeschke, J.M. & Strayer, D.L. 2008. Usefulness of bioclimatic models for studying climate change and invasive species. Ann. Ny. Acad. Sci. 1134: 1-24.

Joger, U. 1986. Phylogenetic analysis of *Uromastyx* lizards, based on albumin immunological distances. Studies in Herpetologie, SEH Prague, Bonn, Germany, pp: 187-191.

Kaliontzopoulou, A., Brito, J.C., Carretero, M.A., Larbes, S. & Harris, D.J. 2008. Modelling the partially unknown distribution of wall lizards (Podarcis) in North Africa: ecological affinities, potential areas of occurrence, and methodological constraints. Can. J. Zool. 86: 992-1001.

Khan, M.S.H. 2002. Key and checklist to the lizards of Pakistan, (Reptilia, Squamata, Sauria). Herpetozoa. 15: 99-119.

Knapp, A. 2004. An assessment of the international trade in spiny-tailed lizards *Uromastyx* with a focus on the role of the European Union. Technical report to the European Commission, CITES Doc. AC. Inf. 13: 1-31.

Macey, J.R., Schulte, J.A., Ananjeva, N.B., Larson, A., Rastegar-Pouyani, N., Shammakov, S.M. & Papenfuss, T.J. 1998. Phylogenetic relationships among Agamid lizards of the *Laudakia caucasia* species group: Testing hypotheses of biogeographic fragmentation and an area cladogram for the Iranian plateau. Mol. Phylogenet. Evol. 10: 118-131.

Manel, S., Williams, H.C. & Ormerod, S.J. 2001. Evaluating presence-absence models in ecology: the need to account for prevalence. J. Appl. Ecol**.** 38: 921-931.

Mertens, R. 1956. Amphibien und reptilien aus dem SO-Iran. Jahreshefte des Vereins für vaterländische Naturkunde in Württemberg 111: 90-97.

Meynard, C.N., Devictor, V., Mouillot, D., Thuiller, W., Jiguet, F. & Mouquet, N. 2011. Beyond taxonomic diversity patterns: how do α, β and γ components of bird functional and phylogenetic diversity respond to environmental gradients across France? Global Ecol. Biogeogr. 20: 893-903.

Miller, J. 2010. Species distribution modeling. Geography Compass 4: 490-509.

Moody, S.M. 1987. A preliminary cladistic study of the lizard genus *Uromatyx* (Agamidae, sensu lato) with a checklist and diagnostic key to the species. Proc. Fourthord Gen Meet Soc. Eur. Herpetol. 1: 285-288.

Mouquet, N., Devictor, V., Meynard, C.N., Munoz, F., Bersier, L.F., Chave, J. & Hardy, O.J. 2012. Ecophylogenetics: advances and perspectives. Biol. Rev. 87: 769-785.

Mutia, T.M. 2009. Biodiversity conservation. Short course IV on exploration for geothermal resources, organized by U.N.U-G.T.P., KenGen and G.D.C., at Lake Naivasha, Kenya 1-22.

Naimi, B. & Araújo, M.B. 2016. sdm: a reproducible and extensible R platform for species distribution modelling. Ecography 39: 368-375.

Palumbi, S., Martin, A., Romano, S., McMillan, W., Stick, L. & Grabowski, G. 1991. A simple fool's guide to PCR. Honolulu, HI: University of Hawaii Press, 46 pp.

Parmesan, C., Gaines, S., Gonzalez, L., Kaufman, D.M., Kingsolver, J., Townsend Peterson, A. & Sagarin, R. 2005. Empirical perspectives on species borders: from traditional biogeography to global change. Oikos 108: 58-75.

Peterson, A.T. & Vieglais, D.A. 2001. Predicting species invasions using ecological niche modeling: new approaches from bioinformatics attack a pressing problem. Bioscience 51: 363-371.

Pincheira-Donoso, D., Bauer, A.M., Meiri, S. & Uetz, P. 2013. Global taxonomic diversity of living reptiles. PLoS One 8: e59741**.**

Porro, L.B., Ross, C.F., Iriarte, D.J., O'Reilly J.C., Evans, S.E. & Fagan, M.J. 2014. In vivo cranial bone strain and bite force in the agamid lizard *Uromastyx geyri*. J. Exp. Biol. 217: 1983-1992.

Posada, D. 2008. jModelTest phylogenetic model averaging. Mol. Biol. Evol. 25: 1253-1256**.**

Rahimian, H., Shafiei, S., Rastegar-Pouyani, N. & Rastegar-Pouyani, E. 2015. Phylogenetic relationships of the gray-toad agama, *Phrynocephalus scutellatus* (Olivier, 1807), species complex from Iran. Zootaxa. 3990: 369-380.

Rastegar Pouyani, E., Rastegr Pouyani, N., Kazemi Noureini, S., Joger, U. & Wink, M. 2010. Molecular phylogeny of the *Eremias persica* complex of the Iranian plateau (Reptilia: Lacertidae), based on mtDNA sequences. Zool. J. Linn. Soc. Lond. 158: 641-660.

Sambrook, J. & Russell, D.W. 2006. SDS-polyacrylamide gel electrophoresis of protein. Cold spring harbor laboratory press (CSHLP). 2006: pdb-prot4540.

Sgro, C.M., Lowe, A.J. & Hoffmann, A.A. 2011. Building evolutionary resilience for conserving biodiversity under climate change. Evol. Appl. 4: 326-337.

Stamatakis, A. 2006. RAxML-VI-HPC: maximum likelihoodbased phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. Bioinformatics 22: 2688-2690.

Szczerbak, N.N. 1974. The palearctic deserts lizards. Akadeimya Nauk Ukrienskoi SSR Institut Zoologii. Kiev: Naokova Dumka.

Szczerbak, N.N. 2003. Guides to the reptiles of the Eastern Palaearctic. Krieger Pub. CO. Malabar, 260 pp.

Tamar, K., Metallinou1, M., Wilms, T., Schmitz. A., Crochet, P.A., Geniez, P. & Carranza1, S. 2017. Evolutionary history of spiny-tailed lizards (Agamidae: *Uromastyx*) from the Saharo-Arabian region. Zool. Scr. 47: 159-173.

Tamura, K., Peterson, D., Stecher, G., Filip, A. & Kumar, S. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Mol. Biol. Evol. 30: 2725**.**

The Global Biodiversity Information Facility. 2018. Published on the Internet https://www.gbif.org [accessed November 2018]

Trisurat, Y., Shrestha, R.P.& Alkemade, R. 2011. Land use, climate change and biodiversity modeling: perspectives and applications. Information Science Reference, 512 pp.

Vazquez, D.P. & Gittleman, J.l. 1998. Biodiversity conservation: Does phylogeny matter? Curr. Biol. 8: 379-381.

Wilms, T. & Böhme, W. 2007. Review of the taxonomy of the spiny-tailed lizards of Arabia (Reptilia, Agamidae, Leiolepidinae, *Uromastyx*). Fauna Arabia 23: 435-468.

Wilms, T. & Schmitz, A. 2007. A new polytypic species of the genus Uromastyx Merrem 1820 (Reptilia, Squamata, Agamidae, Leiolepidinae) in southwestern Arabia. Zootaxa 1394: 1-23.

Wilms, T., Bohmes, W., Wagner, P., Lutzmann, N. & Schmitz, A. 2009. On the phylogeny and taxonomy of the genus *Uromastyx* Merrem, 1820 (Reptilia, Squamata, Agamidae, Uromastycinae) resurrection of the genus *Saara* Gray, 1845. Bonn. Zool. Beitr. 56: 55-99.

*****

How to cite this article:

Ghaedi, Z., Saberi-Pirooz, R., Ebrahimi, E., Badri. S. & Ahmadzadeh, F. 2020. Genetic diversity within the Iranian spiny-tailed lizard and predicting species distribution in climate change conditions. Nova Biologica Reperta 7: 192-205. (In Persian).

قائدی، ز.، صابری پیروز، ر.، ابراهیمی، ا.، بدری، س. و احمدزاده، ف. ۱۳۹۹. بررسی تنوع ژنتیکی سوسمار خاردم ایرانی و پیش‌بینی توزیع گونه‌ای در شرایط تغییر اقلیم. یافته‌های نوین در علوم زیستی ۷: ۲۰۵-۱۹۲.

[Downloaded from c4i2016.khu.ac.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24236330.1399.7.2.7.1]

[DOI: 10.52547/nbr.7.2.192]