

تنوع ژنتیکی جمعیت نزد گونه‌های جنس *Rattus* در شهر تهران

حسن رجیبی مهمان^{۱*}، سمیه کشتکار^۱، بهرام حسن زاده کیابی^۱ و مهین میرزایی^۲

^۱ تهران، دانشگاه شهید بهشتی، دانشکده علوم زیستی، گروه علوم جانوری

^۲ تهران، شرکت ساماندهی صنایع و مشاغل

تاریخ پذیرش: ۹۰/۹/۱۹

تاریخ دریافت: ۹۰/۵/۱۷

چکیده

رتها امروزه از یک طرف مدل آزمایشگاهی بسیار مهمی به حساب می‌آیند و از طرف دیگر یک آفت بسیار مهم و بالقوه خطرناک می‌توانند باشند. مطالعه در مورد رتها به خصوص برای شناسایی آنها، ژنتیک جمعیتشان و جغرافیای تکاملی آنها با استفاده از روشهای مورفولوژیک و بالانحص مولکولی یک ضرورت است. این پژوهش با هدف شناسایی و بررسی ژنتیک رتهای کلان شهر تهران با استفاده از ژنوم میتوکندری در ناحیه D-Loop انجام گرفت و نتایج آن نشان داد که در شهر تهران فقط گونه های رت سیاه و قهوه ای وجود دارد. از میان ۲۲۹ نمونه فقط یک نمونه رت سیاه و در بین رتهای قهوه ای نیز دو زیرگونه احتمالی کاملاً متفاوت تشخیص داده شد. نتیجه آنالیزهای ژنتیک جمعیت و دموگرافیک نشان داد که این جانوران دارای تنوع ژنتیکی خیلی پایینی هستند و دو گروه متفاوت با زمان مختلفی وارد ایران شده اند: ورود گروه اول که جدیدتر است حدود ۷۰۰ و گروه قدیمی ۵۶۰۰ سال پیش تخمین زده شد. داده ها همچنین نشان داد که جمعیت رتهای تهران در حال رشد و افزایش حجم است ولی در گذشته کنترلهای خوبی انجام شده است. مناطقی از تهران مثل ۱۸، ۱۳، ۱۹، ۱۲، ۹، ۴ و ۱ دارای جمعیت با تنوع ژنتیکی خیلی بیشتری از رتها هستند و می‌توانند محل اصلی کلنیها باشند.

واژه های کلیدی: ژنتیک جمعیت، D-Loop، رت قهوه ای (*Rattus norvegicus*)

* نویسنده مسئول، تلفن: ۰۲۱۲۹۹۰۲۷۲۵، پست الکترونیکی: H_Rajabi@sbu.ac.ir

مقدمه

کند. این جانور از قرن ۱۶ شروع به راه یابی به نقاط دیگر دنیا نمود و در اوایل قرن در اروپا توسعه پیدا کرد و اولین بار در سال ۱۷۱۶ از دانمارک گزارش گردید و سپس در سال ۱۷۲۸ در انگلستان، در سال ۱۷۵۰ در فرانسه، در سال ۱۷۶۲ در نروژ، در سال ۱۷۹۰ در سوئد و بالاخره در سال ۱۷۷۵ از شمال آمریکا گزارش گردید و در حال حاضر می‌توان گفت که در اکثر نقاط دنیا دیده می‌شود. نام رت نروژی در واقع به وسیله دانشمندان جانورشناس انتخاب شده است چون این جانور در سال ۱۷۲۶ در نروژ گزارش گردید و مورد مطالعه دقیق دانشمندان قرار گرفت در صورتی که به هیچ عنوان بومی نروژ نبوده و احتمالاً توسط

رتها به عنوان یکی از جانوران همزیست انسان، مدل آزمایشگاهی برای بسیاری از تحقیقات، آفت بسیار مهمی که سالانه میلیاردها دلار به بشر خسارت می‌زند و برای مبارزه با آن هر سال هزینه های بسیار سنگینی را انسان متحمل می‌شود و به عنوان ناقل بعضی از بیماریها از دیر باز مورد توجه زیست شناسان قرار داشته و مطالعات بسیاری نیز در زمینه های مختلف بر روی آن انجام شده است. رت قهوه ای (*Rattus norvegicus*) به احتمال زیاد از آسیا منشأ گرفته و گفته می‌شود که ابتدا از حدود چین و ژاپن شیوع پیدا کرده و به تدریج با رشد تجارت خارجی و پراکندگی انسان، توانسته خود را به نقاط دیگر منتقل

خصوصیات بدنی قابل‌شناسایی صد در صد در سطح گونه نیستند.

سرگذشت مهاجرتهای انسانی با استفاده از تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک DNA میتوکندری (mtDNA) مربوط به *R. exulans* در اقیانوس آرام (۷) و در ماداگاسکار با استفاده از *R. rattus* (۶) مطالعه شده است. در اقیانوس آرام، *R. exulans* تنها رتی است که توسط انسان به دورترین نقاط پولینزی انتقال یافته است. ولی رتهای دیگر مانند رت اندمیک گینه نو *R. praetor* نیز منتقل شده اند و بقایای آنها در مناطق باستان‌شناسی در مناطق دور دستی مثل فیجی و وانواتو دیده می‌شوند (۲۲). تحقیقات اخیر نشان دهنده این است که علاوه بر نواحی اقیانوس آرام نقاطی مثل نزدیکهای جزایر آسیای جنوب شرق و گینه نو مراکز عمده پیدایش و گسترش این جوندگان می‌باشند. این نواحی بیشترین تنوع گونه ای رت را نشان داده و بحث برانگیز ترین مناطق برای رده بندی این جانوران هستند خصوصاً زمانی که صفات مورد بررسی خصوصیات جمجمه‌های کشف شده از سایت‌های باستان‌شناسی باشند. در برخی موارد اگر تمام بدن جانور بطور کامل و دست نخورده نیز در دسترس باشد، بعضی گونه‌های جنس *Rattus* را نمی‌توان با استفاده از صفات مورفولوژیک از همدیگر تمایز داد. در این موارد DNA استخراج شده از بقایای کشف شده فک پایین یا استخوان ران جانور می‌تواند به کمک دانشمندان بشتابد، به طوری که می‌توان حتی گونه‌های کریپتیک (گونه‌هایی که از نظر مورفولوژیک فاقد تفاوت معنی‌دار ولی از نظر ژنتیکی متفاوتند) را از همدیگر به وسیله این روش متمایز نمود (۵).

گروه *Rattus rattus* در برگیرنده حدود ۲۱ گونه متفاوت از جمله *R. rattus*، *R. tanezumi*، *R. hoffmanni* و *R. tiomanicus* می‌باشد. گونه *R. rattus* بر اساس تعداد کروموزوم به دو زیر گروه تقسیم می‌شود (۲۳): تیپ

کشتی از کشورهای آسیایی به نروژ منتقل شده است. این رت در ایران مانند رت سیاه در سواحل دریای خزر و سواحل خلیج فارس تا دریای عمان گزارش شده است (۱).

پس از موش خانگی، موش صحرایی آزمایشگاهی *Rattus norvegicus* به عنوان یکی از جانوران مدل آزمایشگاهی تحقیقات بسیار زیادی بر روی آن انجام شده است. این مدل برای بررسی تعدادی از بیماریهای مهم انسان از جمله استعداد ابتلاء به سرطان، فشار خون بالا، چاقی، دیابت، سکت و بیماریهای خودایمنی از اهمیت زیست پزشکی زیادی برخوردار است. و در این میان بعضی افراد به شناسایی و رده بندی آن پرداخته و بعضی دیگر سویه‌های مختلف آن را با نمونه‌هایی که در آزمایشگاهها مورد استفاده قرار می‌گیرند مقایسه قرار داده‌اند. تعدادی از مطالعات مربوط به استفاده از داده‌های مولکولی به ویژه کروموزوم میتوکندری است که با استفاده از آن فیلوژنی و جغرافیای تکاملی این جانوران مطالعه شده است. داده‌های مولکولی نشان دهنده این است که: جنس *Rattus* مشتمل بر حدود ۶۶ گونه، به احتمال زیاد از آسیای جنوب شرقی منشأ گرفته است. در حال حاضر با گسترده ترین حوزه در آسیای جنوب شرقی، جزیره‌های جنوب شرقی آسیا (ISEA) و گینه نو پراکنده است (۱۱). تصور بر این است که گینه نو دارای ۱۴ و یا ۱۱ گونه بومی و ۵ گونه *rattus* معرفی شده یا مهاجم از مناطق دیگر است (۱۱ و ۲۰). تعدادی از گونه‌های بومی اندمیک با دامنه بسیار محدود هستند. طبقه بندی این جانوران به خاطر وجود نامگذاری‌های مترادف برای یک گونه به وسیله افراد مختلف بسیار پیچیده به نظر می‌رسد (به عنوان مثال ۴۹ مورد برای *R. exulans* و بیش از ۸۰ مورد برای هر یک از گونه‌های *R. rattus* و *R. tanezumi* (۱۱)). شاید علت این عدم قطعیت طبقه بندی این است که بسیاری از رتها به وسیله صفات مورفولوژی حتی با استفاده از تمام

جمعیت موجودات زنده می‌پردازند. در این میان افراد دیگری نیز وجود دارند که بر استفاده از این روش‌ها خرده گرفته و ساعت مولکولی که اساس آنالیزهای مربوط به این نوع مطالعات است را مورد تردید قرار می‌دهند. با تمام این مشکلات روش‌های مولکولی در بسیاری از زمینه‌ها به کمک دانشمندان بیولوژیست شتافته و به عنوان یک روش نوین و پیشرفته سعی در حل معماهایی دارد که کارهای مورفولوژیک و انتولوژیک جوابی برای آنها ندارند. بسیاری از دانشمندان اعتقاد دارند که ژنوم موجودات زنده با یک سرعت و شدت یکسان و هماهنگی تکامل می‌یابد و در زمان معین تعداد مشخصی از نوکلئوتیدها در گذشته تغییر یافته است که می‌تواند نمایانگر وجود یک ساعت مولکولی برای تکامل ژنتیکی موجودات باشد. حال با استفاده از این خصوصیت ژنوم می‌توان نحوه به وجود آمدن جمعیت‌های جدید از جمعیت‌های قدیمی تر را مطالعه و پیگیری کرد و قدمت پیدایش آنها، نحوه مهاجرت، میزان رابطه و درصد مهاجرت بین آنها، جمعیت‌های اجدادی و نقاط وجود کلونیاها و حتی حدود تعداد افراد تشکیل دهنده کلونیاها را تحت بررسی و مطالعه قرار داد.

کشور ایران در جنوب غربی قاره آسیا و در منطقه خاورمیانه واقع شده است و از گذشته‌های دور تا کنون پل ارتباطی شرق و غرب به حساب می‌آید. ایران در ۳۲ درجه شمالی خط استوا و ۵۳ شرقی نصف النهار گرینویچ قرار دارد و از شمال به ارمنستان، آذربایجان، ترکمنستان و دریای خزر، از شرق به افغانستان، و پاکستان، از جنوب به خلیج فارس و دریای عمان و از غرب به عراق و ترکیه محدود می‌شود. کوه‌های متعددی در ایران به چشم می‌خورند که مهم‌ترین آنها عبارتند از رشته کوه زاگرس در غرب، رشته کوه البرز در شمال و کوه‌های خراسان در شمال شرقی. در بخش‌های مرکزی مثل جنوب تهران و شرق کشور بخشی از فلات ایران وجود دارد که دو کویر نمکی مهم دشت کویر و کویر لوت در آن قرار دارند (۸) و (۹). همچنین در این نواحی واحه‌هایی دیده می‌شوند که

اقیانوسیه ای (همچنین اروپایی نیز نامیده می‌شود) با $2n=38$ که (Musser & Carlton, 2005) آن را *R. rattus* نامیدند و یک تیپ آسیایی با $2n=42$ کروموزوم که Musser و Carlton در سال ۲۰۰۵ آن را *Rattus tanezumi* نامیدند. تیپ آسیایی بومی جنوب شرق آسیاست ولی در ژاپن، تایوان، فیلیپین، جزایر آسیای جنوب شرق، گینه نو و فیجی نیز یافت می‌شوند (۱۰). تصور می‌شود که شبه جزیره هند مهد *R. rattus* می‌باشد که از آن فرم اقیانوسیه یا اروپایی در قرن سوم به انگلستان راه یافته است. از اروپا به وسیله راه‌های دریایی به تمام جهان راه یافته و در ۱۸۵۰ به اقیانوس آرام رسید. فرم اقیانوسیه ای یا اروپایی محدود به بنادر کشورهای است در حالی که تیپ آسیایی بومی و داخلی محسوب می‌شود. برای تشخیص خیلی از گونه‌های جنس *Rattus* به صورت مورفولوژیک هم متخصصان و هم غیرمتخصصان با مشکل مواجه هستند. پژوهشگرانی مثل Vázquez-Domínguez و همکاران در ۲۰۰۱ (۲۱) نشان دادند که تشخیص *R. fuscus* و *R. leucopus* از یکدیگر بسیار مشکل است و Taylor و همکاران در ۱۹۸۲ (۲۰) خاطر نشان کردند که شناسایی *R. steini*، *R. praetor*، *R. mordax*، *R. jobiensis* و *R. novaeguinea* گنج‌کننده و ابهام‌انگیز است. تیلور و همکارانش مشخصاً از گونه *R. praetor* به عنوان یک گونه بسیار متنوع نام بردند که اشکالات زیادی در تاکسونومی آن دیده می‌شود. آنها خاطر نشان کردند که گونه‌های *R. exulans*، *R. leucopus*، *R. verecundus*، *R. niobe*، ممکن است در شناسایی با یکدیگر اشتباه شوند به خصوص اگر افراد جوان مطالعه شوند.

استفاده از داده‌های مولکولی اخیراً برای تخمین زمان پیدایش جمعیت‌ها، گسترش یا کاهش اندازه آنها، بررسی سرگذشت و تاریخ تکاملی و همچنین وضعیت مهاجرت و نحوه کلونیزاسیون مناطق مختلف بسیار متداول است و دانشمندان زیادی با استفاده از این نوع داده‌ها به مطالعه فیلوژنی، فیلوژئوگرافی، تنوع زیستی و حتی ژنتیک

می‌رسد. به علاوه یافتن محل تجمع، محل تولید و تکثیر کلنیها در این منطقه، یافتن مسیر مهاجرت، و ورود آنها به شهر، بررسی ژنتیک جمعیت آنها و در صورت امکان تخمین زمان حضور آنها از اهداف دیگر پژوهش می‌باشد.

مواد و روشها

نمونه‌ها: تعداد ۲۲۹ رت از ۱۷ منطقه تهران بزرگ به وسیله پیمانکارهای منطقه ای زیر نظر شرکت ساماندهی صنایع و مشاغل شهر وابسته به شهرداری تهران در سالهای ۱۳۸۸ و ۱۳۸۹ به وسیله تله های زنده گیر شکار شده و با درج منطقه و محل شکار نمونه ها بر روی قفسها به طور زنده به آزمایشگاه بیوسیستماتیک جانوری مولکولی واقع در دانشکده علوم زیستی دانشگاه شهید بهشتی منتقل شدند. در جدول ۱ نحوه پراکنش نمونه ها در مناطق مختلف تهران نشان داده شده است. به علاوه تعداد ۲۲ ترادف مربوط به رت نروژی از Genbank دانلود شده و به همراه دیگر نمونه ها آنالیز داده ها انجام شد. برای استفاده به عنوان گروه Outgroup تعداد ۴ نمونه از رتهای *R. rattus*، *R. tanezumi*، *R. praetor*، *R. exulans* نیز از Genbank دانلود گردید.

استخراج DNA: ژنوم کامل رت به وسیله روش فنل - کلروفورم استخراج شد. برای اطمینان از وجود DNA و تعیین کیفیت آن مقدار ۵ میکرولیتر از محلول استخراج DNA را به همراه ۳ میکرولیتر بافر لودینگ بر روی ژل ۱ درصد آگارز شارژ کرده و پس از رنگ آمیزی به وسیله اتیدیوم بروماید ژل مطالعه شده و حضور یا عدم حضور باندها و شدت و قطر باندها که نشان دهنده کیفیت DNA بود، بررسی شد. به وسیله اسپکتروفتومتر نانودراپ غلظت DNA در محلول تعیین و غلظتهای مورد نیاز برای انجام PCR (۱۵ نانوگرم بر میکرولیتر) تهیه شدند. محلولهای تهیه شده برای نگهداری به مدت طولانی در فریزر ۲۰- گذاشته شدند.

در گذشته مسیرهای کاروانها از آنها می‌گذشتند (۸). کشور ایران علی‌رغم این که به طور کلی یک کشور گرم و خشک در نظر گرفته می‌شود اما از نظر آب و هوا، ارتفاع جغرافیایی و همچنین پوششهای گیاهی از تنوع قابل توجهی برخوردار است. این تنوع به نوبه خود باعث وجود تنوع جانوری فوق‌العاده ای در این کشور شده است که کمتر به آن پرداخته شده است.

شهر تهران پایتخت ایران و در قلب کشور، از شمال به وسیله رشته کوههای البرز محدود شده و از جنوب با دشتهای مسطح شهر ری و قم ارتباط تنگاتنگی دارد. از شرق به کوههای لواسانات و دشت گرمسار و از غرب نیز به نواحی مسطح حومه غربی تهران راه دارد. جانورانی که قصد مهاجرت از شرق به غرب یا بالعکس داشته یا دارند مجبور به گذر از این منطقه هستند بنابراین، این جریان ژنی که به طور مداوم از منطقه انجام می‌گیرد، می‌تواند موجودات بومی منطقه را بسیار تحت تأثیر قرار دهد. پس مطالعه ژنتیک جمعیت موجودات منطقه می‌تواند بسیار حائز اهمیت باشد. بنابراین کشور ایران و بالاخص شهر تهران نه تنها از جنبه های سیاسی و اقتصادی بلکه از جنبه های زیستی و جانوری نیز از موقعیت و جایگاه بسیار استراتژیکی برخوردارند.

هدف از پژوهش حاضر تشخیص و شناسایی گونه های مختلف رت در تهران با استفاده از توالی ناحیه کنترل ژنوم میتوکندریایی و بررسی مولکولی موشهای جنس *Rattus* در مناطق بیست دو گانه تهران می‌باشد که می‌تواند اطلاعات اساسی در مورد تفاوتها و منشاء آنها ارائه دهد و با مقایسه این داده ها با نتایج حاصل از مطالعات در سایر مناطق دنیا، می‌توان در مورد منشا و نحوه پراکندگی آنها در سراسر دنیا نیز ایده های صحیح تری بیان کرد. همچنین بر روی رتهای ایران و به خصوص تهران از نظر مولکولی مطالعه زیاد و در خوری انجام نشده و نیاز به این مطالعات برای مبارزه با این حیوانات بیش از پیش ضروری به نظر

جدول ۱- نحوه پراکنش هابلوتیپها و تعداد آن در هر منطقه در مناطق مورد مطالعه و سوشهای آزمایشگاهی

سوشها	19	18	17	16	15	14	13	12	9	8	7	6	5	4	3	2	1	منطقه	هابلوتیپ
3	4	10	3		3	15		3	6			4	3	18	7	3			1
2									1										2
2	1	3			3	4	18			2	2	6	1						3
		1	1	1				15				1							4
1			2						2										5
								1											6
								1											7
		1																	8
						2								1	1				9
	1							1											10
			1					1											11
									1										12
																1			13
																2			14
								1						1					15
													1						16
																			17
																			18
																			19
																			20
																			21
																			22
								1	1										23
																			24
																			25
																			26
																			27
																			28
																			29
																			30
																			31
																			32
																			33

هرکدام ۵ میکرو مولار، DNA به مقدار ۵۰ نانوگرم و آب میلی کیو به مقدار ۳۶/۵ میکرولیتر.

شرایط انجام PCR نیز شامل یک مرحله دناتوراسیون اولیه در دمای ۹۴ درجه به مدت ۵ دقیقه و ۳۰ سیکل مرحله تکثیر که شامل دناتوراسیون ۹۴ درجه به مدت ۳۰ ثانیه، مرحله اتصال با درجه حرارت ۶۰ به مدت ۳۰ ثانیه و مرحله طویل سازی با دمای ۷۲ درجه به مدت ۶۰ ثانیه و در نهایت مرحله تکمیل زنجیره های ناقص DNA با درجه حرارت ۷۲ درجه به مدت ۵ دقیقه بوده است.

انجام PCR: برای انجام PCR ابتدا ترادف پرایمرهای مورد نیاز از پژوهش Robins و همکاران در ۲۰۰۷ (۱۵) برای ناحیه D-Loop میتوکندری رت برگرفته و به شرکت سیناژن سفارش ساخت آنها داده شد. تکثیر قطعه ای از ژنوم ناحیه D-Loop از میتوکندری به وسیله دستگاه PCR مدل peqlab با استفاده از ۴۵ میکرولیتر از مواد اولیه انجام شد که شامل: Mgcl₂ با غلظت ۱۵ میلی مولار، dNTP به مقدار ۱۵ میلی مولار، بافر X ۱۰ به مقدار ۵ میکرولیتر، آنزیم Taq polymerase به مقدار ۵ یونیت، پرایمر از

برای رسم درخت هاپلوتیپی بدون ریشه نیز برای مطالعه وضعیت و حالات هاپلوتیپها نسبت به همدیگر استفاده شد. برای رسم جداول و گرافها از نرم افزار Excel استفاده شد.

نتایج

شناسایی نمونه‌ها با استفاده از ترادف **D-Loop**: از کل ۱۹۲ نمونه آنالیز شده تنها یک نمونه مربوط به گونه *R. rattus* بوده و بقیه مربوط به گونه *R. norvegicus* هستند. از دیگر گونه‌های رت که در مناطق مختلف آسیای جنوب شرقی به وفور یافت می‌شوند، در تهران موردی یافت نشد. علت این اتفاق بیشتر به دلیل کار گذاشتن تله‌ها بر روی زمین و محدود بودن نمونه برداری به مناطق داخل شهری می‌تواند باشد.

آنالیز ژنتیک جمعیت: آنالیزها نشان داد که در کل ۲۴ هاپلوتیپ در میان ۱۹۱ نمونه مطالعه شده رت نروژی در تهران وجود دارد که به همراه ۹ هاپلوتیپ از میان ۲۲ نمونه رت سوش که از Genbank دانلود شد، تعداد هاپلوتیپها به ۳۳ رسید. جدول شماره ۱ نحوه پراکنش این هاپلوتیپها را در ۱۷ منطقه مورد بررسی و نمونه‌های به دست آمده از بانک اطلاعات ژنومی را نشان می‌دهد. از میان این هاپلوتیپها شماره‌های ۱، ۳ و ۴ بیشترین مقدار فراوانی را دارا هستند. تعداد ۲۱ هاپلوتیپ از کل ۳۳ هاپلوتیپ هر کدام فقط در یک منطقه دیده می‌شوند. ۱۲ هاپلوتیپ به صورت مشترک بین ۲ یا چند منطقه هستند به طوری که نحوه پراکنش آنها در مناطق مختلف تا حدودی از قاعده خاصی تبعیت می‌کند. همان‌طور که در جدول ۱ مشاهده می‌شود مناطقی که با همدیگر هم‌جوار هستند دارای هاپلوتیپهای مشترک بیشتری هستند. عموماً تنوع هاپلوتیپی در مناطق حاشیه‌ای تهران خیلی بیشتر است با اینکه تعداد نمونه‌هایی که از این مناطق آنالیز شده است تفاوت فاحشی با مناطق مرکزی ندارند. فراوانی هاپلوتیپها براساس تقسیم‌بندی آنها به دو گروه عمده هاپلوگروپهای A و B در جدول ۲ قابل مشاهده است.

پس از انجام PCR به مقدار ۵ میکرولیتر از محصول آن با ۳ میکرولیتر بافر لودینگ (اوراژ G) بر روی ژل ۱ درصد آگارز شارژ شده و به مدت نیم ساعت به آن اجازه ران داده شد. سپس به وسیله اتیدیوم بروماید به مدت ۱ ساعت رنگ آمیزی و پس از شستشو با آب مقطر به وسیله دستگاه ژل خوان بررسی و از آن برای مطالعه بیشتر عکس گرفته شد. برای اطمینان از اینکه آیا قطعه ژن مورد بررسی این تحقیق به درستی تکثیر شده است یا نه مقدار ۳ میکرولیتر از DNA ladder با قطعات ۱۰۰ bp نیز در کنار نمونه‌های آزمایشی بر روی ژل ران شد. پس از اطمینان از اینکه قطعه PCR شده همان قطعه مورد نظر است و هیچ باند اضافی در بالا یا پایین باند مربوط به ژن کاندید مورد مطالعه بر روی ژل دیده نمی‌شود، ما بقی محصولات PCR در فریزر ۲۰- نگهداری شدند. تعداد ۱۹۲ نمونه از کل ۲۲۹ نمونه رت از مناطق مختلف مورد بررسی انتخاب و در دانشگاه مونیخ ۲ فرانسه، تعیین ترادف شد.

آنالیز داده‌ها: در این مطالعه برای آنالیز آماری داده‌ها از نرم افزارهای مختلفی استفاده شد. برای مرتب کردن ترادف توالیهای مربوط به نمونه‌ها از نرم افزار Mega 5 (۱۹) استفاده شد. پس از مرتب کردن توالیها به وسیله نرم افزار و پس از آن به وسیله چشم و با دست، با همین برنامه درختهای فیلوژنی با استفاده از متد حداکثر تشابه Maximum likelihood ترسیم شدند. برای به دست آوردن درصد اطمینان صحت درختهای رسم شده از روش Bootstrapping استفاده شد، که معمولاً از میزان ۱۰۰۰ دور از آن در این پژوهش استفاده می‌شود. برای آنالیز داده‌ها به منظور مطالعه ژنتیک جمعیت از نرم افزار Arlequin3.1 (۳) و DNASP 5.1 (۱۷) استفاده شد. درصد تنوع نوکلئوتیدی (Pi)، تنوع هاپلوتیپی (H)، تعداد هاپلوتیپها، ارزش Tau و آزمون عدم انطباق پراکنش (Mismatch Distribution) که به منظور تخمین میزان رشد جمعیت در گذشته و تغییرات آن بکار می‌رود، همگی به وسیله این نرم افزارها به دست آمد. از برنامه کمپلکس Splittree (۲)

جدول ۲- این جدول نشان دهنده مناطق و تعداد هاپلوتیپها و کلادهای موجود در آن است. همچنین این جدول نشان می دهد که سوشها بیشتر در کلاد B قرار می گیرند و تنها ۴ هاپلوتیپ از آن جز کلاد A هستند.

منطقه	شماره هاپلوتیپ	تعداد	کلاد
1	1	4	A
	3	12	B
	4	1	A
	9	3	B
	10	1	A
2	1	3	A
	12	1	A
	13	2	A
3	1	7	A
	9	1	B
4	1	18	A
	3	1	B
	9	1	B
	15	1	A
5	1	3	A
	16	1	A
6	1	4	A
	3	6	B
	4	1	A
7	3	2	B
8	2	1	B
	3	2	B
9	1	6	A
	5	2	B
	6	1	A
	10	1	A
	11	1	B
12	1	3	A
	4	15	A
	7	1	A
	14	1	A
	22	1	A
13	3	18	B
	9	2	B
	22	1	A
	23	1	B
24	1	B	

منطقه	شماره هاپلوتیپ	تعداد	کلاد
14	1	15	A
	3	4	B
15	1	3	A
	3	3	B
16	4	1	A
17	1	3	A
	4	1	A
	5	2	B
	11	1	B
	17	1	A
18	1	10	A
	3	3	B
	4	1	A
	8	1	A
	18	1	B
	21	1	A
	22	1	A
19	1	4	A
	3	1	B
	10	1	A
	19	1	A
	20	1	A
سوشها	1	3	A
	3	2	B
	5	1	B
	25	1	B
	26	6	B
	27	2	B
	28	1	B
	29	1	B
	30	2	B
	31	1	B
	32	1	A
33	1	B	

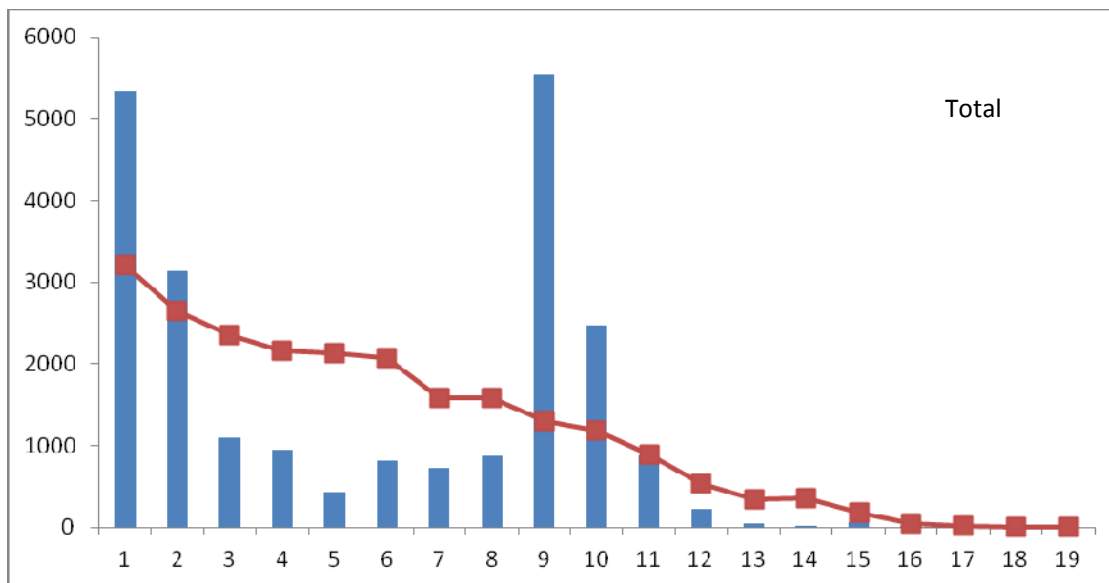
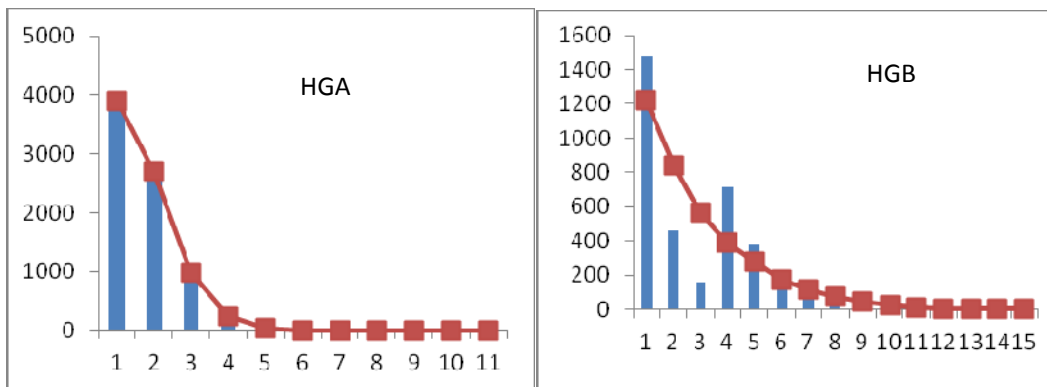
هاپلوتیپی (h) برای هاپلوگروپ A حدود ۰/۵۱ و در گروه B ۰/۶ می باشد و میزان تنوع نوکلئوتیدی در هاپلوگروپ A حدود ۰/۰۱۱ و در گروه B ۰/۰۳۶ که تمام این داده ها مبین این حقیقت است که رتهای تهران دارای تنوع بسیار پایینی هستند. هاپلوتیپهای ۱، ۳ و ۴ دارای فرکانس بسیار بالا با تفاوت معنی داری با بقیه هاپلوتیپها می باشند،

باتوجه به اینکه آنالیزهای فیلوژنتیک نشان دهنده دو هاپلوگروپ کاملاً متمایز است، این دو هاپلوگروپ هر کدام به عنوان یک گروه مجزا مورد مطالعه قرار گرفتند. درصد تنوع ژنتیکی برای هر گروه در جدول ۳ آمده است. همان طور که مشاهده می شود در کل تنوع نزد این جانوران در شهر تهران بسیار پایین است. درصد تنوع

به طوری که هاپلو تیپ ۱ تقریباً در تمام مناطق جزء ۳ منطقه مشاهده می‌شود.

جدول ۳- تنوع هاپلو تیپی (h) و نوکلئوتیدی (Pi)، میانگین تنوع نوکلئوتیدی (k)، تعداد هاپلو تیپها (H)، با استفاده از سکانس ترادف ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری. مقادیر τ ، SSD، Raggedness index و ارزش P در داخل پرانتز و همچنین نتایج آزمونهای Tajima's D و Fu's Fs و ارزش P آنها در داخل پرانتز نشان داده شده است.

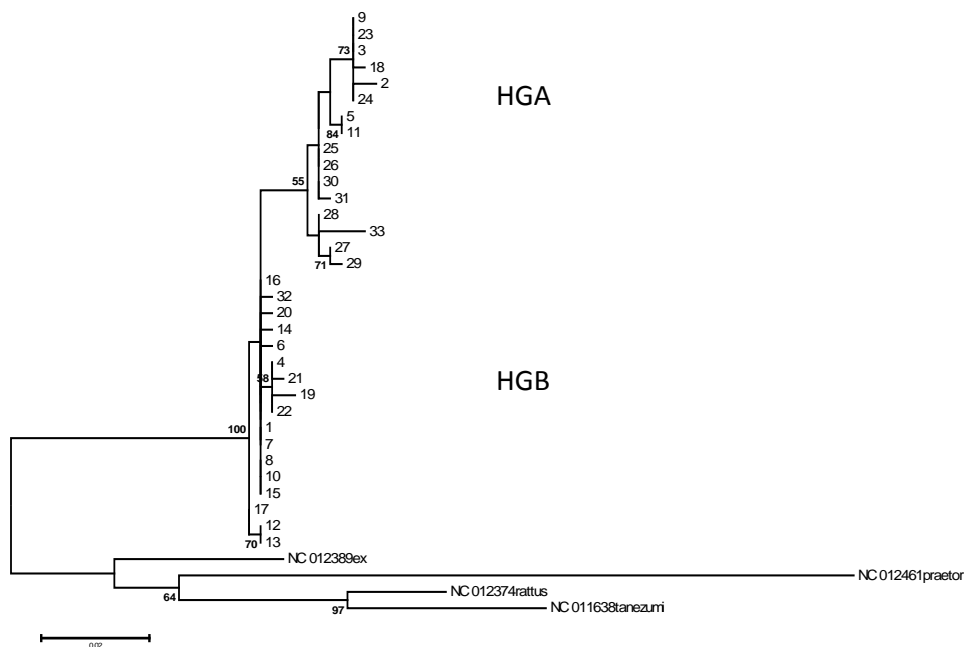
Haplogroups	Sample size	H	h	pi	k	Tau	SSD (p-value)	Raggedness index(p-value)	Tajima'sD (p-value)	Fu's FS (p-value)
HGA	126	17	0.5109	0.001148	0.577509	0.7715	0.00022 (0.86200)	0.03457 (0.45300)	-1.75085 (0.00900)	-1.19101 (0.11600)
HGB	87	16	0.6044	0.003564	1.792681	5.5918	0.07965 (0.79000)	0.11475 (0.44000)	-15.95292 (0.00000)	-5.46322 (0.02500)
TOTAL	213	33	0.7638	0.009064	4.595314	9.1231	0.06190 (0.10000)	0.08563 (0.09000)	-0.10357 (0.54200)	-8.73305 (0.03100)



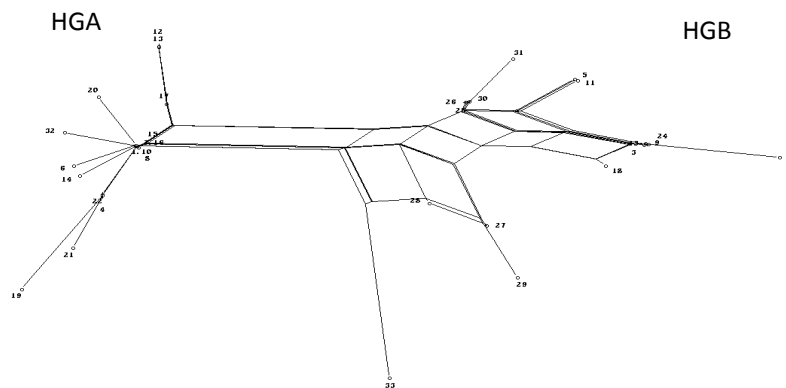
شکل ۱- آزمون پراکنش عدم انطباق Mismatch distribution تفاوت نوکلئوتیدی هاپلو تیپها. این آزمون برای HGA، HGB و Total یا تمام نمونه‌ها انجام شد که نتایج و تفسیر آنها در متن آمده است. ستونهای آبی نمایانگر مقادیر مشاهده شده و خط-نقطه‌ها نشانگر مقادیر مورد انتظار است.

بودن ارزش P در آنها نشان می‌دهد که هر دو گروه HGA و HGB در گذشته نوساناتی در تعداد افراد زایا و بارور خود داشته‌اند. مقادیر Tau به دست آمده از این آزمون برای تخمین شروع ورود رتها به تهران و تبدیل شدن آنها به مشکل جدی، مورد استفاده قرار گرفتند. با استفاده از فرمول $Tau = 2ut$ که در آن u درصد موتاسیون در ژن در میلیون سال و t زمان شروع رشد جمعیت یا به عبارتی ورود آنها به شهر و تبدیل شدنشان به معضل آفت شهری است. محاسبات زمانی در حدود ۷۰۰ سال برای HGA، ۵۶۰۰ سال برای HGB و ۹۰۰۰ سال برای تمام نمونه‌های موجود در تهران نشان می‌دهد که در آن نرخ موتاسیون حدود ۵ درصد است که Robin و همکارانش در ۲۰۰۸ برای ژنوم میتوکندری رتها ذکر کرده‌اند (۱۶).

آنالیزهای دموگرافیک (وضعیت زمانی جمعیت‌ها): این آنالیزها برای مطالعه وضعیت جمعیتها در زمان گذشته و رشد یا کاهش اندازه آنها و تخمین زمان شروع این افزایش و یا کاهش با استفاده از نرخ موتاسیون و تئوری ساعت مولکولی است. این آزمون با استفاده از مقدار تفاوت نوکلئوتیدهای هاپلو تیپها نزد تمام افراد مطالعه شده انجام می‌شود. آزمون پراکنش عدم انطباق یا Mismatch Distribution (MMD) برای این منظور انجام شد (شکل ۱). مقادیر Tau ، SSD ، $Raggedness\ index$ و ارزش P هرکدام در جدول ۳ نشان داده شده است. نتایج این آزمون نشان داد که برای گروههای HGA و HGB و تمام نمونه‌ها با همدیگر تئوری صفر را نمی‌توان رد کرد. بنابراین این گروهها در حال افزایش هستند. نتایج آزمونهای دیگری به نام Tajima's D (۱۸) و Fu's Fs (۴) نیز به دلیل معنی دار



شکل ۲- درخت فیلوژنتیکی هاپلو تیپها مربوط به D-Loop میتوکندری با استفاده از روش Maximum-likelihood: درخت بهینه حاصل از bootstrap (۱۰۰۰ تکرار) ترسیم شده است که درصدهای مربوطه در کنار شاخه‌ها نوشته شده است (درصدهای زیر ۵۰ نشان داده نشده‌اند).



شکل ۳- درخت بدون ریشه NeighbourNet رسم شده با تنظیمات پیش فرض نرم افزار که نشان دهنده رابطه هاپلو تیپها با یکدیگر است. وجود دو گروه متفاوت در این شکل کاملاً مشخص است. خطهای عرضی وصل کننده شاخه هاپلو تیپها به همدیگر نشان دهنده هم‌پلازی محدود بین هاپلو تیپها است.

مطالعات مورفولوژیک شناسایی دقیق و بی‌عیب و نقص نمی‌شوند. در مطالعه حاضر با توجه اینکه برای نمونه برداری از تله‌های زنده‌گیری استفاده می‌شد که به منظور مبارزه و کشتن رت‌ها به وسیله پیمانکاران در مناطق مختلف تهران گذاشته می‌شدند، بنابراین انتظار می‌رود که نمونه‌ها فقط از داخل شهر گرفته شده باشند و گونه‌ها و زیرگونه‌های دیگر که با انسان همزیست نیستند، در این نمونه برداری وارد نشوند. از طرف دیگر بنا به عادت همواره تله‌ها در کف زمین قرار داده می‌شوند، بنابراین گرفتن رت‌هایی مثل گونه *R. rattus* که بیشتر در سقف‌های کاذب زندگی می‌کند کمتر اتفاق می‌افتد. همان‌طور که در بخش نتایج اشاره شد از ۲۲۹ نمونه گرفته شده که ۱۹۲ مورد از آنها تعیین توالی شدند، فقط یک مورد گونه رت سیاه یا *R. rattus* مشاهده شد و از گونه‌های دیگر نیز به هیچ‌عنوان در شهر تهران مشاهده نشده است. از میان ۱۹۱ نمونه باقی‌مانده که همگی به گونه *R. norvegicus* تعلق دارند دو گروه کاملاً متمایز دیده می‌شود. شکل‌های مربوط به درخت‌های فیلوژنتیک، آنالیز MMD و درخت بدون ریشه NeighbourNet که نشان دهنده رابطه هاپلو تیپها با یکدیگر است همگی شواهدی هستند که نمایانگر این واقعیت هستند که در شهر تهران بدون شک دو گروه کاملاً متفاوت از رت‌نورزی وجود دارد. از طرف دیگر مطالعات متعددی

آنالیز فیلوژنتیک: درخت رسم شده به روش Maximum Likelihood در شکل ۲ نشان دهنده وجود دو لاین مختلف رت در تهران است که با یکدیگر اختلاف زیادی دارند. HGA دارای ۱۲۶ نمونه و HGB در ۸۷ نمونه یافت می‌شود. این درختها با استفاده از مدل تکاملی HKY+G کشیده شده است که مقدار G در آن حدود ۰/۱۱ در نظر گرفته شده است (۱۳). گروه‌های خارجی یا Outgroup در این درختها شامل رت‌هایی است که بیشتر در آسیای جنوب شرقی پراکنش زیادی دارند. این رت‌ها شامل: *R. rattus*, *R. praetor* و *R. exulans*, *R. tanezumi* می‌باشند. در شکل ۳ درخت بدون ریشه NeighbourNet که رابطه فیلوژنتیک بین هاپلو تیپها را نشان می‌دهد، نمایانگر دو کلاد کاملاً متمایز نزد رت‌های تهران است. این گروه‌ها که همان HGA و HGB هستند به صورت معنی‌داری از یکدیگر متفاوت هستند.

بحث و نتیجه‌گیری

همان‌طور که در مقدمه ذکر شد استفاده از داده‌های مولکولی برای شناسایی گونه‌ها و زیرگونه‌های خیلی از جانوران اجتناب‌ناپذیر است، به خصوص در مورد رت‌ها که این جانوران به دلیل داشتن گونه‌های کریپتیک به وسیله

داد این است که علت می‌تواند مربوط به نوعی اثر جمعیت‌های بنیانگذار یا Founder Effect باشد. یعنی اینکه اولین رت‌هایی که وارد شهر تهران شده‌اند دارای تنوع ژنتیکی بسیار پایینی بوده‌اند و با گذشت زمان این تنوع همواره پایین‌نگه داشته شده است. تئوری اولیه این تحقیق نیز همانند بسیاری از افراد که اعتقاد دارند این جانور یک گونه مهاجم است ((۱) و مطالعات مورفولوژیک در دانشگاه مشهد) و اخیراً وارد ایران و تهران شده است، همین نظر بود. ولی با یک نگاه به نتایج این پژوهش می‌توان گفت که این تئوری برای همه رت‌های تهران نمی‌تواند درست باشد. در تخمین زمان‌های شروع افزایش رشد جمعیت‌ها برای گروه HGA که ۷۰۰ سال تخمین زده شد شاید این حدس درست باشد و در ۵۰۰ تا ۷۰۰ سال اخیر این گروه وارد تهران شده باشند، ولی در مورد HGB که زمان تخمینی آن ۵۶۰۰ سال پیش است، این گفته ناصحیح است. متأسفانه در مورد رت‌های کشورهای همسایه شرقی ایران مطالعه مولکولی انجام نشده است و داده‌ای در بانک ژنی وجود ندارد تا مطالعه جغرافیای تکاملی کاملی انجام شود و اینکه آیا این جانوران از طریق بندرها و واردات مواد غذایی وارد ایران شده‌اند و یا اینکه به صورت زمینی و در زمان بسیار قدیم وارد ایران شده‌اند، ثابت شود. ولی با تکیه به داده‌های همین مطالعه می‌توان گفت که با توجه به قدمت حداقل یکی از سویه‌های رت تهران شکی نیست که این جانوران در دوره پس از آخرین یخبندان جهانی که ۱۲۰۰۰ سال پیش پایان یافت، وارد ایران و تهران شده‌اند ولی مسیر مهاجرت شان به دلیلی که در بالا ذکر شد مشخص نیست. تأیید کننده این گفته می‌تواند مطالعات متعددی باشد که بر روی رت (۱۵ و ۱۶) و موش خانگی (۱۴) انجام شده است.

بنابراین اگر نظر تحقیقی این مطالعه در مورد تقریباً بومی بودن بخشی از این جانوران پذیرش گردد در مورد HGB که قدمت بیشتری دارد ولی دارای تعداد هاپلو تیپ کمتری

نشان داده است که گونه رت نوژی دارای حد اقل سه زیرگونه متفاوت می‌باشد (۱۲). این سه زیر گونه به نام‌های *Rattus norvegicus norvegicus* و *Rattus norvegicus caraco* و *norvegicus albicans* (Pallas, 1779) نام گذاری شده‌اند. حال کدام گروه از رت‌هایی که در تهران یافت می‌شوند به کدام زیرگونه تعلق دارند؟ سؤالی است که هنوز نمی‌توان به آن جواب داد. علت آن این است که هنوز محققان از نظر مولکولی این زیرگونه‌ها را مطالعه نکرده است و داده‌ها در بانک ژنی مبنی بر اینکه کدام زیرگونه دارای کدام ترادف ژنی است، وجود ندارد. لذا در حال حاضر سعی بر آن است که جواب سؤال را پیدا کرده و با ادامه کار بر روی رت‌های تهران و مطالعه ژنومتریکی - مورفومتریکی و مورفولوژیک از طریق پیگیری این سریمطالعات سعی می‌گردد.

آنالیزهای مربوط به ژنتیک جمعیت رت‌ها نشان داد که این جانوران دارای تنوع ژنتیکی بسیار پایین در تهران هستند. تنوع هاپلو تیپی و نوکلئوتیدی و همچنین تعداد بسیار کم هاپلو تیپ‌ها در تهران در مقایسه با مطالعات دیگری که پژوهشگران بر روی موش خانگی انجام داده‌اند، بسیار پایین است. به عنوان مثال رجبی مهمام و همکاران در سال ۲۰۰۸ و ۲۰۱۱ (۱۴) با مطالعه بر روی تنوع ژنتیکی موش‌های خانگی ایران مشاهده کردند که در بعضی مناطق تنوع بسیار بالاست. به عنوان مثال در استان سیستان و بلوچستان در میان ۲۲ قطعه موشی که از دو خانه مجاور هم گرفته شده بودند ۱۷ هاپلو تیپ در میان آنها یافت شد در صورتی که در مورد رت‌های کلان شهر تهران از کل ۱۹۱ نمونه فقط ۲۴ هاپلو تیپ پیدا شد. دلیل این امر تا حدود زیادی می‌تواند مربوط به مبارزات پیگیر شهرداری تهران بر علیه این جانور باشد که با کنترل جمعیت آنها توانسته است تنوع ژنتیکی را تا این حد پایین نگاه دارد. درحقیقت Bottleneck های متعددی که برای این جانور در گذشته اتفاق افتاده است، باعث شده است تا رت‌های تهران امروزه تنوع آنچنانی نداشته باشند. دلیل دیگری که می‌توان ارائه

مناطق شرایط رشد و پرورش این جانوران خیلی مساعد تر از مناطق دیگر است. مناطق ۹ و ۱۲ نیز دارای رفت آمد فراوان مسافری و مراکزی است که در ارتباط تنگاتنگ با خرید و فروش مواد غذایی یا وجود رستورانهاست. در این مناطق به دلیل عدم رعایت اصول بهداشتی دفع فاضلاب یا مواد دور ریختنی غذایی، محیط بسیار مناسبی برای این جانوران مهیا می‌کند به طوری که عملاً این مناطق به عنوان مراکز وجود کلنیهای رتها در تهران می‌توانند محسوب شوند.

سپاسگزاری

این تحقیق از طریق یک پروژه به وسیله شرکت ساماندهی صنایع و مشاغل شهر وابسته به شهرداری تهران تأمین اعتبار مالی شده است. از تمام کسانی که در نمونه برداری و انجام این تحقیق یاری رسانده اند، خصوصاً سرکار خانم مهین میرزایی به خاطر توصیه های ارزشمندشان، قدردانی می‌شود.

است، می‌توان گفت که ممکن است برای این گروه دو اتفاق افتاده باشد:

اول اینکه مبارزات کنترل جمعیتی برای این گروه مؤثرتر بوده است و این گروه ذاتاً دارای خصوصیتی هستند که قابل کنترل تر به نظر می‌آیند.

دوم اینکه این گروه در مقابل زیرگونه مهاجم که جدیداً وارد تهران شده است، میدان مبارزه را در حال واگذار کردن می‌باشد. به طوری که در دراز مدت ممکن است پیروز میدان گروه مهاجم تازه وارد باشد. داده های آنالیز دموگرافیک نشان دهنده در حال افزایش بودن حجم جمعیت گروه HGA تازه وارد هستند و برای مبارزه و به کنترل درآوردن این جمعیتها بایستی تدابیر برنامه دار و منظمی اندیشیده شود.

با یک نگاه به جدول ۱ که نشان دهنده نحوه پراکنش هاپلو تیپها در مناطق مختلف تهران است، ملاحظه می‌شود که بیشترین تنوع هاپلو تیپی مربوط به مناطق حاشیه ای تهران مانند: ۱، ۴، ۱۳، ۱۸ و ۱۹ می‌باشد. احتمالاً در این

منابع

- ۱- سپیداره، ع.ا. ۱۳۶۹. موش‌ها (جونندگان) شناخت و روش مبارزه با آنها.
- 2- Bryant D, and Moulton V. 2004. Neighbor-Net: An Agglomerative Method for the Construction of Phylogenetic Networks. *Mol Biol Evol* 21: 255-265.
- 3- Excoffier L, Laval G, and Schneider S. 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1: 47-50.
- 4- Fu Y-X. 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics* 147: 913-925.
- 5- Hebert P, Penton E, Burns J, Janzen D, and Hallwachs W. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings National Academy of Sciences, USA*, 101: 14817-14822.
- 6- Hingston M, Goodman S, Ganzhorn J, and Sommer S. 2005. Reconstruction of the colonization of southern Madagascar by introduced *Rattus rattus*. *Journal of Biogeography* 32: 1549-1559.
- 7- Matisoo-Smith E, and Robins J. 2004. Origins and dispersals of Pacific peoples: evidence from mtDNA phylogenies of the Pacific rat. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 101: 9167-9172.
- 8- Mccoll RW. 2005. *Encyclopedia Of World Geography (Facts on File Library of World Geography)*. Facts on File.

- 9- Merriam-Webster's Geographical Dictionary 3rd ed, ed. D.J. Hopkins. 1997: Merriam-Webster.
- 10- Musser GG, and Carleton MD. 1993. Family muridae. In: Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference. In: Wilson DE RD, ed.: Smithsonian Institution Press, Washington. 501-755.
- 11- Musser GG, and Carleton MD. 2005. Family muridae. In: Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference. In: Wilson DE RD, ed.: The John Hopkins University Press, Baltimore. 894-1531.
- 12- Nuri YİĞİT, Ercüment ÇOLAK, Mustafa SÖZEN, and ÖZKURT Ş. 1998. The Taxonomy and Karyology of *Rattus norvegicus* (Berkenhout, 1769) and *Rattus rattus* (Linnaeus, 1758) (Rodentia: Muridae) in Turkey. *Turk. J. Zool.* 22: 203-212.
- 13- Posada D, and Crandall K. 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* 14: 817-818.
- 14- Rajabi-Maham H, Orth A, and Bonhomme F. 2008. Phylogeography and postglacial expansion of *Mus musculus domesticus* inferred from mitochondrial DNA coalescent, from Iran to Europe. *Molecular Ecology* 17th: 627-641.
- 15- Robins JH, Hingston M, Matisoo-Smith E, and Ross HA. 2007. Identifying *Rattus* species using mitochondrial DNA. *Molecular Ecology Notes* 7: 717-729.
- 16- Robins JH, McLenachan PA, Phillips MJ, Craig L, Ross HA, and Matisoo-Smith E. 2008. Dating of divergences within the *Rattus* genus phylogeny using whole mitochondrial genomes. *Mol Phylogenet Evol* 49: 460-6.
- 17- Rozas J, Sanchez-DelBarrio JC, Messeguer X, and Rozas R. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19: 2496-2497.
- 18- Tajima F. 1989. Statistical-Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics* 123: 585-595.
- 19- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, and S K. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*.
- 20- Taylor JM, Calaby JH, and Deussen HVM. 1982. A revision of the genus *Rattus* (Rodentia, Muridae) in the New Guinean region. *Bulletin of the American Museum of Natural History* 173: 177-336.
- 21- Vazquez-Dominguez E, Paetkau D, Tucker N, Hinten G, and Moritz C. 2001. Resolution of natural groups using iterative assignment tests: an example from two species of Australian native rats (*Rattus*). *Molecular Ecology* 10: 2069-2078.
- 22- White J, Clark G, and Bedford S. 2000. Distribution, present and past, of *Rattus praetor* in the Pacific and its implications *Pacific Science* 54: 105-117.
- 23- Yosida TH, Kato H, Tsuchiya K, Sagai T, and Moriwaki K. 1974. Cytogenetical Survey of Black Rats, *Rattus rattus*, in Southwest and Central Asia, with Special Regard to the Evolutional Relationship between Three Geographical Types. *Chromosoma* 45: 99-109.

Population genetic diversity of genus *Rattus* species in Tehran city

Rajabi-Maham H.¹, Keshtkar S.¹, Hassanzadeh Kiabi B.¹ and Mirzaei M.²

¹ Animal Biology Dept., Faculty of Biological Sciences, Shahid-Beheshti University, Tehran, I.R. of Iran

² Organization for Re-locating & Systematizing of Urban Industries Trade Occupation, Tehran, I.R. of Iran

Abstract

Today, the rats are considering as an important laboratory model and from another aspect, as very important potentially dangerous pest. Rats research, especially to identify them, their genetics of populations and phylogeography, using morphological and especially molecular techniques is a necessity. This study performed using D-Loop region of mtDNA to identify them and study genetic of Tehran metropolis rats and the results showed presence of only the black and brown rat species in Tehran. Among the 229 samples, only one sample was the black rat and remains diagnosed as the brown rats belonging to two different subspecies probably. Demographic and population genetics analyses showed that these animals have a very low genetic diversity and the two different groups have entered Iran in different times: The estimated time for the first or newer group and for older group was about 700 and 5600 years, respectively. The data also revealed that Tehran's rat populations have had an expansion period in past but one could see the well-done controls in the past, too. The districts such as 18, 19, 13, 12, 9, 4 and 1 have much more groups of rats and could be the niche of colonies.

Key words: Population Genetic, D-Loop, Brown rat (*Rattus norvegicus*).