

تاکسونومی خفاش انگشت بلند (*Miniopterus schreibersii*) بر اساس ژن سیتوکروم b

وحید اکملی^{۱*}، مظفر شریفی^{۱،۲}، کیانوش چقامیزرا^۳، رباب مهدی زاده^۱ و مرضیه مرادی^۱

^۱گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه رازی

^۲مرکز مطالعات محیط زیست دانشگاه رازی، دانشکده علوم، دانشگاه رازی

^۳گروه بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه رازی

* v_akmali@yahoo.com

چکیده

خفاش انگشت بلند (*Miniopterus schreibersii*) گونه‌ای چندسرخ با ناحیه پراکنش وسیع در میان پستانداران می‌باشد. مطالعات تغییرات جغرافیایی جمعیت‌ها می‌تواند در تشخیص گونه‌ها، زیر گونه‌ها و بررسی مکانیسم‌های تکاملی مؤثر باشد. DeBlase در سال ۱۹۸۰ براساس مطالعات ریخت‌شناسی، جمعیت‌های مختلف این گونه در ایران را در زیرگونه *M. s. pallidus* قرار داد. در این مطالعه به منظور تعیین وضعیت تاکسونومی این گونه بر اساس ژن سیتوکروم b میتوکندریایی (۷۱۴ bp) از جمعیت‌های مناطق مختلف دامنه پراکنش نمونه‌برداری صورت گرفت. درخت‌های فیلوژنتیکی و شبکه پارسیمونی هاپلوتایپی نشان دادند که جمعیت‌های مورد بررسی در ایران در یک کلاد و متعلق به زیر گونه *M. s. pallidus* می‌باشند. میانگین فاصله ژنتیکی جمعیت‌های ایرانی با جمعیت‌های اسپانیا، شمال آفریقا، فیلیپین، چین و ژاپن به ترتیب ۲/۸۲٪، ۱۲/۸۴٪، ۱۵/۲۰٪، ۱۴/۳۳٪ و ۱۴/۹۵٪ بود. نتایج بدست آمده از این مطالعه نشان می‌دهد که نمونه‌های شمال آفریقا، فیلیپین، چین و ژاپن مانند جمعیت‌های جنوب آفریقا به احتمال زیاد متعلق به گونه *M. natalensis* می‌باشند. اما جمعیت‌های ایرانی و اروپایی متعلق به گونه *M. schreibersii* هستند که به ترتیب در دو زیرگونه مجزا *M. s. pallidus* و *M. s. schreibersii* قرار می‌گیرند.

کلمات کلیدی: خفاش انگشت بلند، تغییرات جغرافیایی، سیتوکروم b، درخت فیلوژنی

Taxonomy of the long-fingered bat (*Miniopterus schreibersii*) based on mitochondrial cytochrome b gene

Vahid Akmal^{*1}, Mozafar Sharifi^{1,2}, Kianoosh Chaghamirza³, Robab Mehdizadeh¹ and Marziyeh Moradi¹

¹ Department of Biology, Faculty of Science, Razi University, Baghabrisham, Kermanshah, Iran

² Razi University Center for Environmental Studies, Department of Biology, Baghabrisham, 67149, Kermanshah, Iran

³ Department of Biotechnology, Faculty of Agriculture, Razi University, Kermanshah, Iran

* v_akmali@yahoo.com

Abstract

Miniopterus schreibersii is a polytypic bat species with one of the widest distribution ranges among the mammals. Studies on geographic variation of different populations could be effective in detecting new taxa at subspecies or species level and can demonstrate ecological and evolutionary mechanisms in speciation. DeBlase in 1980, according to morphologic studies, has categorized the different populations of this species into one subspecies of *M. schreibersii pallidus*. In this study, for investigation of geographic variation cytb gene of mtDNA from different populations of this bat was used. The phylogenetic trees and statistical parsimony haplotype network showed all Iranian samples were grouped in the same clade and belonged to *M. s. pallidus* subspecies. The Iranian population diverged from the Spanish, Africa, Philippines, China and Japan populations, with the mean genetic distance from 2.74%, 11.92%, 15.13%, 13.75% and 14.88% between them. The results show that the North Africa, Philippines, China and Japan populations should belong to the separated species as the South of Africa, which is most likely to be *M. natalensis*. But Iranian and European populations belong to one species that should be considered two distinct subspecies *M. s. pallidus* in Iran and *M. s. schreibersii* in Europe.

Keywords: *Miniopterus schreibersii*, geographic variation, cyt b, phylogenetic tree