

Original Article



Molecular Systematics of The Genus *Garra* in the Middle East, Based On Mitochondrial COI Sequences

Golnaz Sayyadzadeh^{1*} , Mobina Nouripour^{1*} 

1. Department of Biology, Faculty of Sciences, Lorestan University, Khorramabad, Iran.

Article history:

Received: 7 January 2026
Revised: 9 July 2026
Accepted: 17 August 2026
ePublished: 19 August 2026

*Corresponding author: Golnaz Sayyadzadeh, Department of Biology, Faculty of Sciences, Lorestan University, Khorramabad, Iran.

E-mail: sayadzadeh.g@lu.ac.ir

Abstract

Members of the genus *Garra*, with about 185 species, are one of the most diverse genera of Cyprinidae, which is widely distributed from Southeast Asia to West Africa. Approximately 43 species of this genus have been recorded from the Middle East. This study investigated the molecular systematics of this genus in the Middle East based on mitochondrial cytochrome oxidase 1 sequences. For this purpose, 78 sequences were obtained from the GenBank. Maximum likelihood and Bayesian trees were constructed with 10,000 bootstrap replicates and 25,000,000 generations, respectively, in RaxML and MrBayes software. Genetic distances between the studied species were calculated. The PTP and mPTP model-based species delimitation approaches were determined. Phylogenetic tree results place species of this genus in their specific clades, while species delimitation results based on the PTP model combine a number of species and introduce them as a single entity, which is consistent with the results of other molecular studies. Therefore, the results of the analysis of COI sequences provide very suitable information for investigating the systematic status of the genus *Garra*, in addition to which, the use of other genetic sequences, including mitochondrial and nuclear, as well as morphological features, is also recommended for a comprehensive assessment of the systematic status of this genus.

Keywords: Phylogeny, Cyprinidae, Barcoding, Phylogenetic Relationships.

Please cite this article as follows: Sayyadzadeh G., Nouripour M. Molecular Systematics of The Genus *Garra* In The Middle East, Based On Mitochondrial COI Sequences. J Mar Bio, 2026; 18(2): 45–54. DOI:



Copyright © 2026 Journal of Marin Biology. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>) which permits copy and redistribute the material just in noncommercial usages, provided the original work is properly cite

مقاله اصلی

رده‌بندی مولکولی جنس *Garra* در خاورمیانه، بر اساس توالی میتوکندریایی COI

گلناز صیادزاده^{۱*}، مبینا نوری‌پور^۲

^۱. گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران.

چکیده

اعضاء جنس *Garra* با حدود ۱۸۵ گونه یکی از متنوع‌ترین جنس‌های کپورماهیان را تشکیل می‌دهد که به طور گسترده از جنوب شرقی آسیا تا غرب آفریقا از جمله خاورمیانه پراکنش دارد. حدود ۴۳ گونه از این جنس از خاورمیانه گزارش شده است. این مطالعه به بررسی سیستماتیک مولکولی این جنس در خاورمیانه بر اساس توالی‌های میتوکندریایی سیتوکروم اکسیداز ۱ پرداخته است. بدین منظور، تعداد ۷۸ توالی ژن سیتوکروم اکسیداز ۱ از بانک ژن گرفته شد. درخت‌های بیشترین درست‌نمایی و بیشین به ترتیب با تکرار ۱۰،۰۰۰ و ۲۵،۰۰۰،۰۰۰ در نرم‌افزارهای RaxML و MrBayes رسم گردید. فاصله ژنتیکی بین گونه‌های مورد مطالعه محاسبه و تعیین حدود گونه‌ای بر اساس مدل‌های PTP و mPTP نیز صورت گرفت. نتایج حاصل از رسم درخت فیلوژنتیکی، گونه‌های این جنس را در کلاهای مشخص خود قرار داده است اما نتایج حاصل از تعیین حدود گونه‌ای بر اساس مدل PTP تعدادی از گونه‌ها را در هم ادغام و به صورت یک واحد معرفی می‌کند، که با نتایج حاصل از سایر مطالعات مولکولی مطابقت دارد. بنابراین نتایج حاصل از آنالیز توالی‌های سیتوکروم اکسیداز ۱، اطلاعات بسیار مناسبی را جهت بررسی وضعیت سیستماتیک جنس *Garra* ارائه می‌دهد که در کنار آن، استفاده از سایر توالی‌های ژنتیکی از جمله میتوکندریایی و هسته‌ای و همچنین ویژگی‌های ریخت‌شناسی در راستای ارزیابی جامع وضعیت سیستماتیک این جنس نیز پیشنهاد می‌گردد.

واژگان کلیدی: فیلوژنی، کپورماهیان، بارکدینگ، روابط خویشاوندی.

تاریخچه مقاله

تاریخ دریافت مقاله: ۱۴۰۴/۱۰/۱۷

تاریخ ویرایش مقاله: ۱۴۰۵/۴/۱۸

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۵/۵/۲۶

تاریخ انتشار مقاله: ۱۴۰۵/۵/۲۸

تمامی حقوق برای دانشگاه آزاد اهواز محفوظ است.

* نویسنده مسئول: گلناز صیادزاده،
گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران.

ایمیل:

sayadzadeh.g@lu.ac.ir

استناد: صیادزاده، گلناز؛ نوری‌پور، مبینا. رده‌بندی مولکولی جنس *Garra* در خاورمیانه، براساس توالی میتوکندریایی COI. مجله زیست‌شناسی دریا، تابستان ۱۴۰۵؛ ۵۴-۴۵: (۲)۱۸

مقدمه

کپور ماهیان سنگ لیس جنس *Garra* Hamilton, 1822 ماهی‌هایی با اندازه متوسط (معمولا تا ۲۰ سانتی‌متر) با دیسک گلوبی می‌کنند هستند و عمدتاً در ناحیه ریترون سیستم‌های رودخانه‌ای زندگی می‌کنند (شکل ۱) (Komarova et al., 2022). گونه‌های این جنس تخصص بالایی در خراشیدن جلبک دارند و با استفاده از آرواره‌های پهن مجهز به ساختار خراشنده شاخی، پری‌فیتون‌ها را از سطح سنگ‌ها و صخره‌ها می‌تراشند (Komarova et al., 2022). این جنس یکی از متنوع‌ترین جنس‌های خانواده کپورماهیان با حدود ۱۸۵ گونه شناخته‌شده است و پراکنش گسترده‌ای از جنوب‌شرقی آسیا تا غرب آفریقا، از جمله خاورمیانه دارد (Esmacili et al., 2016; Komarova et al., 2022). بر اساس چک‌لیست‌های اخیر ماهیان آب شیرین خاورمیانه، حدود ۴۲ گونه از این جنس در منطقه گزارش شده است (Çiçek et al., 2024) که بخش قابل‌توجهی از آن‌ها پس از سال ۲۰۰۰ توصیف شده‌اند (Bayçelebi et al., 2021). اخیراً نیز یک گونه غارزی جدید از این جنس در عمان توصیف شده است که پیش‌تر به‌عنوان فرم غارزی گونه *G. longipinnis* در نظر گرفته می‌شد (Freyhof, 2025).

اعضاء این جنس در خاورمیانه در سه کلاد تک‌تبار مجزا، شامل گروه‌های *G. variabilis*، *G. tibanica* و *G. rufa* طبقه‌بندی می‌شوند (Hamidan et al., 2014). گروه اول شامل حدود شش گونه هستند که در حوضه‌های خلیج فارس و مدیترانه پراکنش دارند. گروه دوم شامل گونه‌هایی همچون *G. buettikeri*، *G. dunsirei*، *G. smarti* و *G. tibanica* از شبه جزیره عربستان هستند و گروه *G. rufa* شامل گونه‌های بسیار متنوع پراکنده در خلیج فارس می‌باشد (Hamidan et al., 2014; Esmacili et al., 2016). مطالعات مولکولی مبتنی بر توالی ژن COI نشان داده‌اند که تاریخچه بیوجغرافیایی این جنس در خاورمیانه پیچیده است و احتمالاً شامل حداقل دو موج مستقل ورود از منطقه هندو-مالایی بوده است (Hashemzadeh Segherloo et al., 2017). همچنین، کاهش همگرا (convergent reduction) دیسک گلوبی در چندین دودمان مستقل این جنس در خاورمیانه مشاهده شده است که نشان‌دهنده سازگاری‌های موازی با شرایط محیطی مختلف (از جمله زندگی غارزی و آب‌های کم‌جریان) است (Hashemzadeh Segherloo et al., 2017). مطالعات تاکسونومیک متعددی روی گونه‌های این جنس در بخش‌های مختلف خاورمیانه، به‌ویژه ایران و عمان انجام شده است که شامل توصیف گونه‌های جدید، بازبینی جنس در ایران، کشف گونه‌های مخفی (cryptic species) در عمان و تعیین وضعیت تاکسونومیک گونه‌های شبه جزیره عربستان بوده است (Sayyadzadeh et al., 2015, 2023; Sayyadzadeh and Esmacili, 2021; Esmacili et al., 2016; Mousavi-Sabet et al., 2016, 2019; Zamani-Faradonbe et al., 2021; Freyhof, 2025). با وجود این پیشرفت‌ها، بسیاری از جمعیت‌ها هنوز به‌خوبی مطالعه نشده‌اند و وجود گونه‌های مخفی، احتمال هیبریداسیون و عدم تطابق میان داده‌های مورفولوژیک و مولکولی، ضرورت بازنگری جامع‌تر را برجسته می‌سازد. استفاده از توالی ژن COI در مطالعات شناسایی مولکولی ماهیان، کارایی بالایی در تفکیک گونه‌ها نشان داده است (Pour Mozaffar et al., 2024; Nahavandi et al., 2021). با این حال، تاکنون مطالعه جامعی که وضعیت سیستماتیک مولکولی این جنس را در مقیاس کل خاورمیانه بررسی کند، انجام نشده است. از این رو، پژوهش حاضر با هدف بررسی سیستماتیک مولکولی جنس *Garra* در خاورمیانه بر اساس توالی‌های میتوکندریایی ژن سیتوکروم اکسیداز زیرواحد ۱ (COI) انجام شده است.



شکل ۱. تصویری از چندین گونه از جنس *Garra* بیانگر خصوصیات ظاهری جنس (Esmacili et al., 2016)

مواد و روش‌ها

به‌منظور انجام این مطالعه، تعداد ۷۷ توالی ژن سیتوکروم اکسیداز زیرواحد ۱ (COI) متعلق به ۳۳ گونه از جنس *Garra* از بانک ژن (GenBank) استخراج گردید (جدول ۱). گونه‌های مورد بررسی عمدتاً از کشورهای خاورمیانه شامل ایران، عمان، عربستان سعودی، امارات متحده عربی، عراق، ترکیه، سوریه، اردن، لبنان و یمن بودند. نقشه شماتیک کشورهای مبدأ توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار DIVA-GIS نسخه ۷.۵.۰ تهیه گردید و در شکل ۲ ارائه شده است. توالی‌ها ابتدا در نرم‌افزار BioEdit نسخه ۷.۲.۵ بررسی و ویرایش شدند و سپس با استفاده از الگوریتم ClustalW در نرم‌افزار MEGA نسخه ۶ هم‌ردیف (align) گردیدند (Hall, 1999). به‌منظور انتخاب بهترین مدل جایگزینی نوکلئوتیدی، از نرم‌افزار jModelTest نسخه ۲.۱.۸ استفاده شد و مدل GTR+G+I به‌عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب گردید. درخت‌های فیلوژنتیک به دو روش Maximum Likelihood (ML) و Bayesian Inference (BI) بازسازی شدند. درخت بیشترین درست‌نمایی با ۱۰۰۰۰ تکرار bootstrap در نرم‌افزار RAxML نسخه ۷.۲.۵ و درخت بیزین با ۲۵,۰۰۰,۰۰۰ نسل در نرم‌افزار MrBayes نسخه ۳.۱.۲ ترسیم گردید. فاصله ژنتیکی (K2P) بین گونه‌های مورد مطالعه نیز در نرم‌افزار MEGA نسخه ۶ محاسبه شد. از توالی گونه *Cyprinus carpio* با شماره دسترسی KC789529 به‌عنوان گروه بیرونی (outgroup) استفاده گردید. به‌منظور تعیین حدود گونه‌ای (species delimitation)، از دو روش PTP و mPTP در وب‌سایت <http://mptp.h-its.org/#/tree> استفاده شد. در هر دو مدل، هدف یافتن یک تعیین حدود گروهی است که احتمال تقسیم طول شاخه‌ها را به حداکثر برساند.



شکل ۲. کشورهای مبدأ توالی‌های ژن COI گونه‌های جنس *Garra* مورد استفاده در این مطالعه

جدول ۱. لیست توالی‌های سیتوکروم اکسیداز ۱، استفاده شده در مطالعه حاضر

گونه	کشور	بانک ژن	گونه	کشور	بانک ژن
<i>Garra amirhosseini</i>	ایران	KX570873	<i>Garra rufa</i>	ترکیه	KM214696
<i>Garra amirhosseini</i>	ایران	KX570874	<i>Garra rufa</i>	ایران	KM214739
<i>Garra barreimiae</i>	عمان	MN830403	<i>Garra rufa</i>	ترکیه	KM214684
<i>Garra barreimiae</i>	عمان	MN830867	<i>Garra sahilia</i>	عربستان	KM214718
<i>Garra barreimiae</i>	امارات	KM214779	<i>Garra sahilia</i>	یمن	KM214689
<i>Garra barreimiae</i>	امارات	KM214734	<i>Garra sauvagei</i>	سوریه	KJ553531
<i>Garra buettikerii</i>	عربستان	KM214742	<i>Garra Shamal</i>	عمان	MN830854
<i>Garra buettikerii</i>	عربستان	KM214729	<i>Garra Shamal</i>	عمان	MN830426
<i>Garra culiciphaga</i>	ترکیه	KJ553522	<i>Garra Shamal</i>	عمان	MN830424
<i>Garra dunserei</i>	عمان	KP069475	<i>Garra Shamal</i>	عمان	MN830861
<i>Garra dunsirei</i>	عمان	KP069476	<i>Garra Sharq</i>	عمان	MN830873
<i>Garra dunsirei</i>	عمان	KP069477	<i>Garra Sharq</i>	عمان	MN830875
<i>Garra elegans</i>	عراق	KM214702	<i>Garra Sharq</i>	عمان	MN830416
<i>Garra elegans</i>	عراق	KM214721	<i>Garra Sharq</i>	عمان	MN830417
<i>Garra festai</i>	لبنان	KJ553308	<i>Garra sindhae</i>	عمان	KX244649
<i>Garra gallagheri</i>	عمان	KX244645	<i>Garra sindhae</i>	عمان	KX244650

گونه	کشور	بانک ژن	گونه	کشور	بانک ژن
<i>Garra gallagheri</i>	عمان	KX244646	<i>Garra sindhae</i>	عمان	KX244651
<i>Garra gallagheri</i>	عمان	KX244647	<i>Garra sindhae</i>	عمان	KX244652
<i>Garra ghorensis</i>	اردن	KM214788	<i>Garra smartae</i>	عمان	KM214732
<i>Garra gymnothorax</i>	ایران	KM214803	<i>Garra smartae</i>	عمان	KM214744
<i>Garra hormuzensis</i>	ایران	KM214791	<i>Garra smartae</i>	عمان	KM214699
<i>Garra hormuzensis</i>	ایران	KM214782	<i>Garra tashanensis</i>	ایران	KY365750
<i>Garra kemali</i>	ترکیه	KJ553337	<i>Garra tibania</i>	عربستان	KM214749
<i>Garra klatti</i>	ترکیه	KJ553379	<i>Garra tibania</i>	عربستان	KM214686
<i>Garra longipinnis</i>	عمان	KM214755	<i>Garra turcica</i>	ترکیه	MH716240
<i>Garra longipinnis</i>	عمان	KM214752	<i>Garra turcica</i>	ترکیه	MH716239
<i>Garra longipinnis</i>	عمان	KM214756	<i>Garra typhlops</i>	ایران	KM214717
<i>Garra lorestanensis</i>	ایران	MG852038	<i>Garra variabilis</i>	سوریه	KJ553567
<i>Garra mondica</i>	ایران	MG852030	<i>Garra variabilis</i>	سوریه	KJ553391
<i>Garra mondica</i>	ایران	MG852031	<i>Garra widdowsoni</i>	عراق	KM214769
<i>Garra nana</i>	سوریه	KJ553487	<i>Garra widdowsoni</i>	عراق	KM214795
<i>Garra nudiventris</i>	ایران	KM214808	-	-	-
<i>Garra persica</i>	ایران	KT808682	-	-	-
<i>Garra persica</i>	ایران	KM214706	-	-	-
<i>Garra roseae</i>	ایران	MN258737	-	-	-
<i>Garra rossica</i>	ایران	KM214765	-	-	-

نتایج

بر اساس نتایج حاصل از تحلیل‌های فیلوژنتیک، توپولوژی درخت‌های به‌دست‌آمده از دو روش Bayesian و (ML) Maximum Likelihood Inference (BI) تا حد زیادی مشابه یکدیگر بودند. از این‌رو، تنها درخت بیزین در شکل ۳ ارائه شده است. در این درخت، مقادیر احتمال پسین (Posterior Probability) مربوط به تحلیل بیزین و مقادیر bootstrap مربوط به تحلیل بیشترین درست‌نمایی به‌ترتیب در کنار هر گره نشان داده شده‌اند. مقادیر بالای حمایت آماری (به‌ویژه احتمال پسین نزدیک به ۱ و bootstrap بالاتر از ۷۰) در اکثر گره‌های اصلی مشاهده شد که نشان‌دهنده استحکام بالای روابط فیلوژنتیک بازسازی‌شده است.

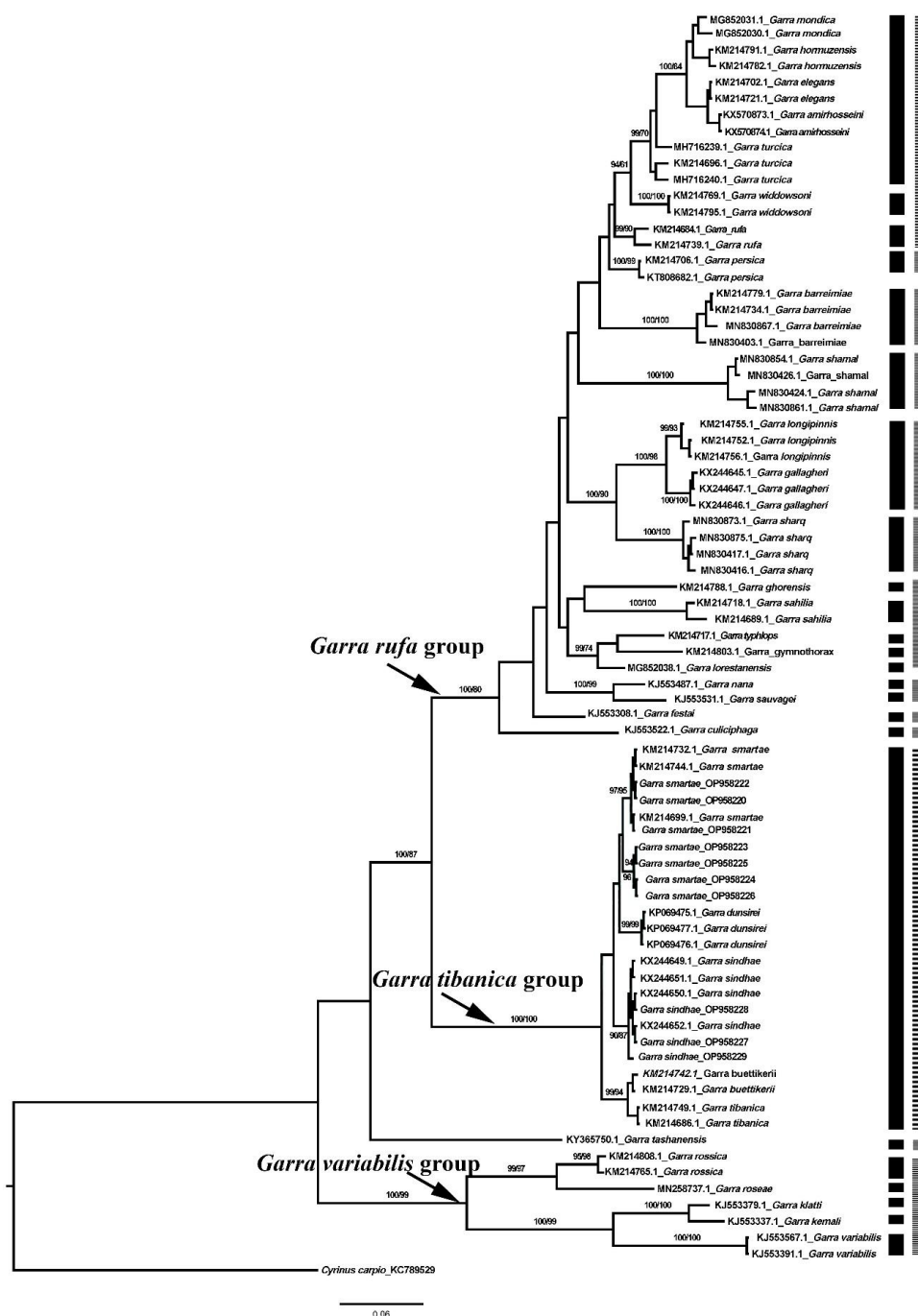
سه کلاد اصلی و تک‌تبار در جنس *Garra* در محدوده خاورمیانه به‌وضوح قابل تشخیص هستند که با مطالعات قبلی نیز هم‌خوانی دارند: گروه *Garra rufa*: این گروه بزرگ‌ترین و متنوع‌ترین کلاد را تشکیل می‌دهد و عمدتاً شامل گونه‌های ساکن حوضه‌های آبریز ایران، ترکیه، عراق، سوریه، اردن و لبنان است. گونه‌هایی مانند *G. rufa*، *G. elegans*، *G. hormuzensis*، *G. mondica*، *G. amirhosseini*، *G. persica* و *G. widdowsoni* در این کلاد قرار گرفتند.

گروه *Garra tibanica*: این گروه عمدتاً شامل گونه‌های شبه‌جزیره عربستان (عمان، عربستان سعودی و امارات متحده عربی) است. گونه‌هایی مانند *G. tibanica*, *G. barreimiae*, *G. dunsirei*, *G. smartae*, *G. sindhae*, *G. shamal*, *G. sharq*, *G. longipinnis* و *G. gallagheri* در این کلاذ جای گرفتند.

گروه *Garra variabilis*: این گروه به‌عنوان یک کلاذ پایه و مجزا در درخت ظاهر شد و شامل گونه‌هایی مانند *G. variabilis*, *G. klatti*, *G. roseae* و *G. rossica kemali* است.

فاصله ژنتیکی اصلاح‌شده بر اساس مدل Kimura 2-parameter (K2P) بین تمامی گونه‌های مورد مطالعه محاسبه گردید. به‌دلیل تعداد زیاد گونه‌ها، فاصله ژنتیکی برخی از گونه‌های نماینده هر سه کلاذ اصلی در **جدول ۲** ارائه شده است. بررسی این جدول نشان می‌دهد که کمترین فاصله ژنتیکی مشاهده‌شده برابر با ۱ درصد بوده و مربوط به جفت گونه‌های *G. elegans* – *G. hormuzensis* و *G. elegans* – *G. mondica* است. این مقادیر پایین فاصله ژنتیکی نشان‌دهنده روابط بسیار نزدیک این گونه‌ها با یکدیگر است. در مقابل، بیشترین فاصله ژنتیکی برابر با ۱۸ درصد ثبت شد که مربوط به جفت گونه‌های *G. klatti* – *G. barreimiae* و *G. klatti* – *G. elegans* می‌باشد. فاصله‌های ژنتیکی بین کلاذی به‌طور کلی بالاتر از فاصله‌های درون کلاذی بود که از تفکیک سه گروه اصلی حمایت می‌کند.

نتایج تعیین حدود گونه‌ای با استفاده از دو روش مبتنی بر مدل PTP و mPTP تفاوت قابل توجهی نشان داد. روش PTP تعداد ۲۴ واحد گونه‌ای مستقل را شناسایی کرد (p = 0.001, Null-model score: 208.977, best score for single coalescent rate: 244.209) که تا حد زیادی با شناسایی‌های مورفولوژیک موجود مطابقت داشت. در مقابل، روش mPTP تعداد ۱۳ واحد گونه‌ای را پیشنهاد کرد که نشان‌دهنده ادغام چندین گونه مورفولوژیک نزدیک به هم در واحدهای گونه‌ای بزرگ‌تر است. این نتایج در **شکل ۲** با استفاده از نوارهای عمودی در کنار درخت فیلوژنتیک نمایش داده شده‌اند. تفاوت بین نتایج PTP و mPTP نشان می‌دهد که برخی از گونه‌های توصیف‌شده بر اساس صفات ریخت‌شناسی، ممکن است از نظر مولکولی هنوز به مرحله واگرایی کامل نرسیده باشند یا دارای تاریخچه تکاملی پیچیده‌ای باشند.



شکل ۳. درخت بیشترین درست‌نمایی و بیزین حاصل از توالی‌های سیتوکروم اکسیداز ۱ گونه‌های مورد مطالعه

جدول ۱. درصد فاصله ژنتیکی برخی از گونه‌های مورد مطالعه بر اساس توالی ژن میتوکندریایی COI

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
<i>G. barreimiae</i>													
<i>G. dunsirei</i>	13												
<i>G. elegans</i>	8	11											
<i>G. hormuzensis</i>	7	11	1										
<i>G. kemali</i>	17	16	16	15									
<i>G. klatti</i>	18	15	18	17	3								
<i>G. mondica</i>	7	11	1	1	16	17							
<i>G. rossica</i>	15	14	15	14	12	11	14						
<i>G. roseae</i>	15	14	15	14	12	12	14	5					
<i>G. rufa</i>	7	10	4	4	15	16	4	13	13				
<i>G. shamal</i>	11	14	8	8	18	18	9	15	16	8			
<i>G. tashanensis</i>	12	12	11	10	15	15	10	14	14	10	14		
<i>G. tibanica</i>	14	2	12	11	14	14	12	13	13	10	14	11	
<i>G. variabilis</i>	17	15	17	16	8	7	17	12	12	15	19	14	13

بحث و نتیجه‌گیری

اعضاء جنس *Garra* گروه متنوعی از کپورماهیان را تشکیل می‌دهند که حدود ۲۵ درصد از گونه‌های شناخته‌شده آن‌ها در خاورمیانه پراکنش دارند (Çiçek et al., 2024). این جنس به دلیل توانایی بالای سازگاری با زیستگاه‌های متنوع آب شیرین، از رودخانه‌های کوهستانی پرشیب تا چشمه‌ها و محیط‌های غارزی، مورد توجه خاص تاکسونومیست‌ها قرار گرفته است. کشف و توصیف چندین گونه غارزی در سال‌های اخیر (Mousavi-Sabet et al., 2016; Freyhof, 2025) نشان‌دهنده قدمت تکاملی نسبتاً بالای این جنس و همچنین پتانسیل بالای آن برای گونه‌زایی در محیط‌های ایزوله است. مطالعات متعدد انجام‌شده در ایران، عمان و سایر بخش‌های خاورمیانه طی دو دهه اخیر، منجر به توصیف گونه‌های جدید متعددی شده و وضعیت سیستماتیک این جنس را پیچیده‌تر از آنچه پیش‌تر تصور می‌شد، نشان داده است (Sayyadzadeh et al., 2015, 2023; Sayyadzadeh and Esmaeili, 2021; Esmaeili et al., 2016; Mousavi-Sabet et al., 2019; Zamani-Faradonbe et al., 2021). با این حال، تاکنون مطالعه جامعی که وضعیت مولکولی این جنس را در مقیاس کل خاورمیانه بررسی کند، انجام نشده بود. مطالعه حاضر با استفاده از توالی ژن میتوکندریایی COI تلاش کرده است تا این خلأ را تا حدی پر کند. نتایج حاصل از بازسازی درخت‌های فیلوژنتیک، سه کلاد اصلی و تک‌تبار *G. rufa*، *G. tibanica* و *G. variabilis* را به‌وضوح تایید کرد که با یافته‌های Hamidan و همکاران (۲۰۱۴) و Esmaeili و همکاران (۲۰۱۶) هم‌خوانی دارد. گروه *G. rufa* به‌عنوان متنوع‌ترین کلاد، عمدتاً شامل گونه‌های حوضه‌های غربی و مرکزی خاورمیانه است، در حالی که گروه *G. tibanica* بیشتر به شبه‌جزیره عربستان محدود می‌شود. گروه *G. variabilis* نیز به‌عنوان یک کلاد پایه و مجزا ظاهر شد. نتایج تعیین حدود گونه‌ای با روش‌های PTP و mPTP تفاوت قابل توجهی نشان داد. روش PTP تعداد ۲۴ واحد گونه‌ای را شناسایی کرد که تا حد زیادی با شناسایی‌های مورفولوژیک موجود مطابقت داشت، در حالی که روش mPTP با پیشنهاد تنها ۱۳ واحد گونه‌ای، چندین گونه نزدیک به هم را ادغام کرد. به‌عنوان مثال، گونه‌های *G. dunsirei*، *G. sindhae* و *G. smartae* تحت یک واحد گونه‌ای قرار گرفتند که با نتایج Sayyadzadeh و همکاران (۲۰۲۳) مبنی بر مترادف بودن *G. smartae* و *G. sindhae* با *G. dunsirei* هم‌خوانی دارد. این یافته‌ها نشان می‌دهد که برخی از گونه‌های توصیف‌شده بر اساس صفات ریخت‌شناسی، ممکن است از نظر مولکولی هنوز به مرحله واگرایی کامل نرسیده باشند یا دارای جریان ژنی محدود باشند. گونه غارزی *G. tashanensis* که معمولاً در گروه *G. rufa* طبقه‌بندی می‌شود، در درخت حاضر به‌صورت یک کلاد مجزا ظاهر شد و فاصله ژنتیکی آن با سایر گونه‌ها بین ۱۰ تا ۱۴ درصد بود. این میزان واگرایی نسبتاً

بالا، ضرورت انجام مطالعات جامع‌تر (شامل نشانگرهای هسته‌ای و بررسی دقیق‌تر صفات ریخت‌شناسی) را برای تعیین وضعیت سیستماتیک این گونه برجسته می‌سازد. فاصله ژنتیکی بسیار پایین (حدود ۱ درصد) بین *G. elegans* با *G. hormuzensis* و *G. mondica* نیز قابل توجه است. این مقادیر بر اساس توالی‌های قدیمی موجود در بانک ژن به‌دست آمده و ممکن است ناشی از شناسایی نادرست نمونه‌ها یا کیفیت پایین توالی‌ها باشد. بنابراین، دسترسی به نمونه‌های تازه و انجام بررسی‌های تلفیقی ریخت‌شناسی و مولکولی برای این گروه از گونه‌ها ضروری به نظر می‌رسد. به‌طور کلی، نتایج مطالعه حاضر نشان می‌دهد که ژن COI ابزار مناسبی برای بررسی روابط فیلوژنتیک و تعیین حدود گونه‌ای در جنس *Garra* است، اما به‌تنهایی نمی‌تواند تمام پیچیدگی‌های تاکسونومیک این جنس را حل کند. استفاده همزمان از نشانگرهای میتوکندریایی و هسته‌ای همراه با داده‌های ریخت‌شناسی دقیق، می‌تواند تصویر کامل‌تری از وضعیت سیستماتیک این جنس در خاورمیانه ارائه دهد. مطالعه حاضر با استفاده از توالی‌های ژن COI، سه کلاد اصلی *G. rufa*، *G. tibanica* و *G. variabilis* را در جنس *Garra* خاورمیانه تأیید کرد. نتایج تعیین حدود گونه‌ای نشان داد که برخی از گونه‌های توصیف‌شده از نظر مولکولی ممکن است مترادف باشند. فاصله ژنتیکی بالای *G. tashanensis* و فاصله بسیار پایین برخی گونه‌های نزدیک به هم، ضرورت انجام مطالعات تکمیلی را برجسته می‌سازد. پیشنهاد می‌شود در مطالعات آینده از ترکیب نشانگرهای میتوکندریایی و هسته‌ای همراه با داده‌های ریخت‌شناسی برای بازنگری جامع وضعیت سیستماتیک این جنس استفاده شود.

References

1. Bayçelebi, E.S.R.A., Kaya, C., Turan, D. and Freyhof, J., 2021. *Garra orontesi*, a new species from the Orontes River drainage (Teleostei: Cyprinidae). Zootaxa. 4952: 169–180. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4952.1.10>
2. Çiçek, E., Esmaceli, H. R., Sayyadzadeh, G., Saad, A., Sungur, S., Jawad, L., Eagderi, S., Çapar, O. B., Coad, B. W. and Fricke, R., 2024. Freshwater lampreys and fishes in the Middle East. Taxa. 4, ad24401: 435p.
3. Esmaceli, H.R., Sayyadzadeh, G., Coad, B.W. and Eagderi, S., 2016. Review of the genus *Garra* Hamilton, 1822 in Iran with description of a new species: a morpho–molecular approach (Teleostei: Cyprinidae). Iranian Journal of Ichthyology. 3 (2): 82–121.
4. Freyhof, J., 2025. *Garra cavernicola*, a new species from the Hajar Mountains in Oman (Teleostei: Cyprinidae), with a short discussion on monophyly and the description of evolutionarily young species. Zootaxa. 5601 (2): 335–345. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5601.2.7>
5. Hall, T.A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series. 41: 95–98.
6. Hamidan, N.A., Geiger, M.F. and Freyhof, J., 2014. *Garra jordanica*, a new species from the Dead Sea basin with remarks on the relationship of *G. ghorensis*, *G. tibanica* and *G. rufa* (Teleostei: Cyprinidae). Ichthyology and Exploration of Freshwaters. 25: 223–236.
7. Hashemzadeh Segherloo, I., Abdoli, A., Eagderi, S., Esmaceli, H.R., Sayyadzadeh, G., Bernatchez, L., Hallerman, E., Geiger, M.F., Özulug, M., Laroche, J. and Freyhof, J., 2017. Dressing down: convergent reduction of the mental disc in *Garra* (Teleostei: Cyprinidae) in the Middle East. Hydrobiologia. 785(1): 47–59.
8. Kirchner, S., Sattmann, H., Haring, E., Victor, R. and Kruckenhauser, L., 2021. Hidden diversity—Delimitation of cryptic species and phylogeography of the cyprinid *Garra* species complex in Northern Oman. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 59(2): 411–427.
9. Komarova, A.S., Golubtsov, A.S. and Levin, B.A., 2022. Trophic diversification out of ancestral specialization: An example from a radiating African cyprinid fish (genus *Garra*). Diversity. Diversity. 14 (8): 629. <https://doi.org/10.3390/d14080629>
10. Mousavi-Sabet H., Vatandoust, S., Fatemi, Y. and Eagderi, S., 2016. Tashan Cave a new cave fish locality for Iran; and *Garra tashanensis*, a new blind species from the Tigris River drainage (Teleostei: Cyprinidae). FishTaxa. 1 (3): 133–148.
11. Mousavi-Sabet, H., Saemi-Komsari M., Doadrio I. and Freyhof J. 2019. *Garra roseae*, a new species from the Makran region in southern Iran (Teleostei: Cyprinidae). Zootaxa. 4671 (2): 223–239.

12. Nahavandi, R., Tamadoni Jahromi, S., and Bayati, F. 2021. Investigation of genetic diversity and DNA barcoding of two species (*Rachycentron canadum*) and (*Parastromateus niger*) in the Persian Gulf. Journal of Marine Biology. 13(51): 29–39.
13. Pour Mozaffar, S., Tala, M., Gozari, M., Nazemi, M., Nooraei, S., Zaheri, A., Mahmoudi, M. and Tamadoni Jahromi, S. 2024. Molecular Identification of Some Species of Serranidae Family in Qeshm and Hormuz Islands Using COI Gene Sequence. Journal of Marine Biology. 16(2): 19–29.
14. Sayyadzadeh, G. and Esmaeili, H.R., 2021. Does the *Garra* population (Teleostei: Cyprinidae: Labeoninae) from the Kol River drainage, Persian Gulf basin merit formal description?. Zootaxa. 5048 (2): 265–278.
15. Sayyadzadeh, G., Esmaeili, H.R. and Freyhof, J., 2015. *Garra mondica*, a new species from the Mond River drainage with remarks on the genus *Garra* from the Persian Gulf basin in Iran (Teleostei: Cyprinidae). Zootaxa. 4048 (1): 75–89.
16. Sayyadzadeh, G., Jufaili, S. M. A. and Esmaeili, H. R., 2023. Species diversity deflation: Insight into taxonomic validity of *Garra* species (Teleostei: Cyprinidae) from Dhofar Region in the Arabian Peninsula using an integrated morpho-molecular approach. Zootaxa. 5230(3): 333–350.
17. Zamani-Faradonbe, M., Zhang, E. and Keivany, Y. 2021. *Garra hormuzensis*, a new species from the upper Kol River drainage in the Persian Gulf basin (Teleostei: Cyprinidae). Zootaxa. 5052 (3): 380-394. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5052.3.4>.