JOMB
Journal of Marin Biology
J Marin Bio, 2026; 18(2): 45-54 Doi
https://jmb.ahvaz.iau.ir

Journal of Marin Biology

Islamic Azad university Ahvaz Branch

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

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir

مقاله اصلی

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

گلناز صیادزاده[1*]، مبینا نوری‌پور[2]

[1]. گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران.

چکیده

اعضاء جنس *Garra* با حدود ۱۸۵ گونه یکی از متنوع ترین جنس های کپورماهیان را تشکیل می دهد 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 توالی های میتوکندریایی سیتوکروم اکسیداز ۱ پرداخته است. بدین منظور، تعداد ۷۸ توالی ژن سیتوکروم اکسیداز ۱ از بانک ژن گرفته شد. درخت های بیشترین درست نمایی و بیزین به ترتیب با تکرار ۱۰،۰۰۰ و ۲۵،۰۰۰،۰۰۰ در نرم افزارهای RaxML و MrBayes رسم گردید. فاصله ژنتیکی بین گونه های مورد مطالعه محاسبه و تعیین حدود گونه ای بر اساس مدل های PTP و mPTP نیز صورت گرفت. نتایج حاصل از رسم درخت فیلوژنتیکی، گونه های این جنس را در کلادهای مشخص خود قرار داده است اما نتایج حاصل از تعیین حدود گونه ای بر اساس مدل PTP تعدادی از گونه ها را در هم ادغام و به صورت یک واحد معرفی می کند، که با نتایج حاصل از سایر مطالعات مولکولی مطابقت دارد. بنابراین نتایج حاصل از آنالیز توالی های سیتوکروم اکسیداز ۱، اطلاعات بسیار مناسبی را جهت بررسی وضعیت سیستماتیکی جنس *Garra* ارائه می دهد که در کنار آن، استفاده از سایر توالی های ژنتیکی از جمله میتوکندریایی و هسته ای و همچنین ویژگی های ریخت شناسی در راستای ارزیابی جامع وضعیت سیستماتیکی این جنس نیز پیشنهاد می گردد.

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 زیست شناسی دریا، تابستان ۱۴۰۵؛ ۱۸(۲): ۴۵-۵۴

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir

مقدمه

کپور ماهیان سنگ لیس جنس *Garra* Hamilton, 1822 ماهی‌هایی با اندازه متوسط (معمولا تا ۲۰ سانتی‌متر) با دیسک گلویی مکنده هستند و عمدتا 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 (Esmaeili *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). اخیرا 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 حوضه های خلیج فارس و مدیترانه پراکنش دارند. گروه دوم شامل گونه هایی همچون *G. buettikeri*، *G. dunsirei*، *G. smarti* و *G. tibanica* از شبه جزیره عربستان هستند و گروه *G. rufa* شامل گونه های بسیار متنوع پراکنده در خلیج فارس می باشد (Hamidan *et al*., 2014; Esmaeili *et al*., 2016). مطالعات مولکولی مبتنی بر توالی ژن COI نشان داده‌اند که تاریخچه بیوجغرافیایی این جنس در خاورمیانه پیچیده است و احتمالا شامل حداقل دو موج مستقل ورود از منطقه هندو-مالایی بوده است (Hashemzadeh Segherloo *et al*., 2017). همچنین، کاهش همگرا (convergent reduction) دیسک گلویی 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 شبه‌جزیره عربستان بوده است (Sayyadzadeh *et al*., 2015, 2023; Sayyadzadeh and Esmaeili, 2021; Esmaeili *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.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir



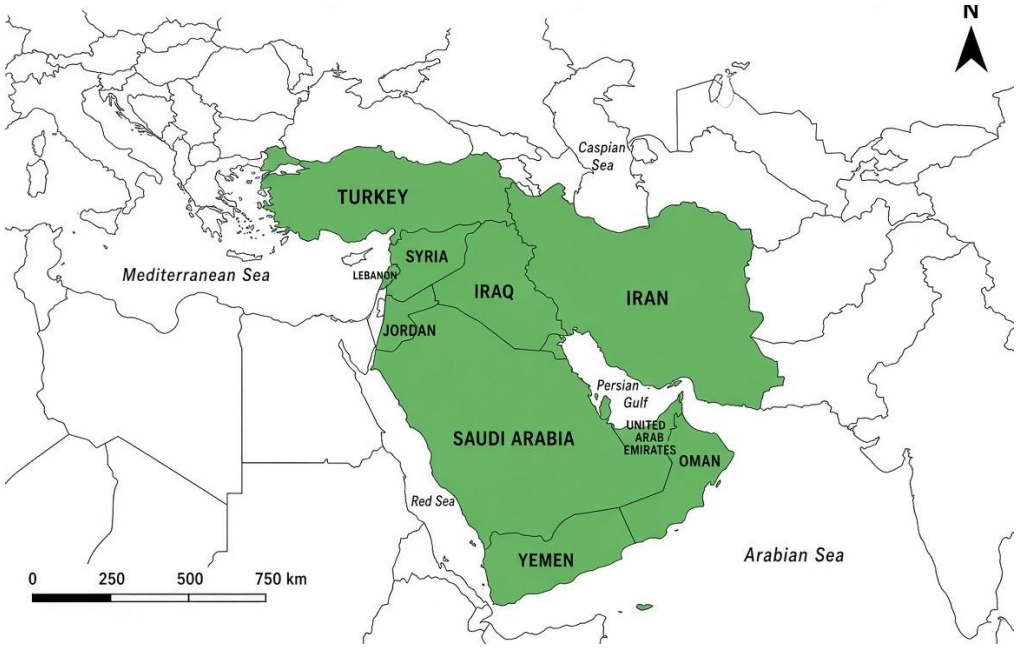
شکل ۱. تصویری از چندین گونه از جنس *Garra* بیانگر خصوصیات ظاهری جنس (Esmaeili *et al*., 2016)

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 عمدتا 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.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir



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

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

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

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir

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

نتایج

بر اساس نتایج حاصل از تحلیل‌های فیلوژنتیک، توپولوژی درخت‌های به‌دست‌آمده از دو روش Maximum Likelihood (ML) و Bayesian 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 عمدتا 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.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir

گروه *Garra tibanica*: این گروه عمدتا 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 کلاد جای گرفتند.

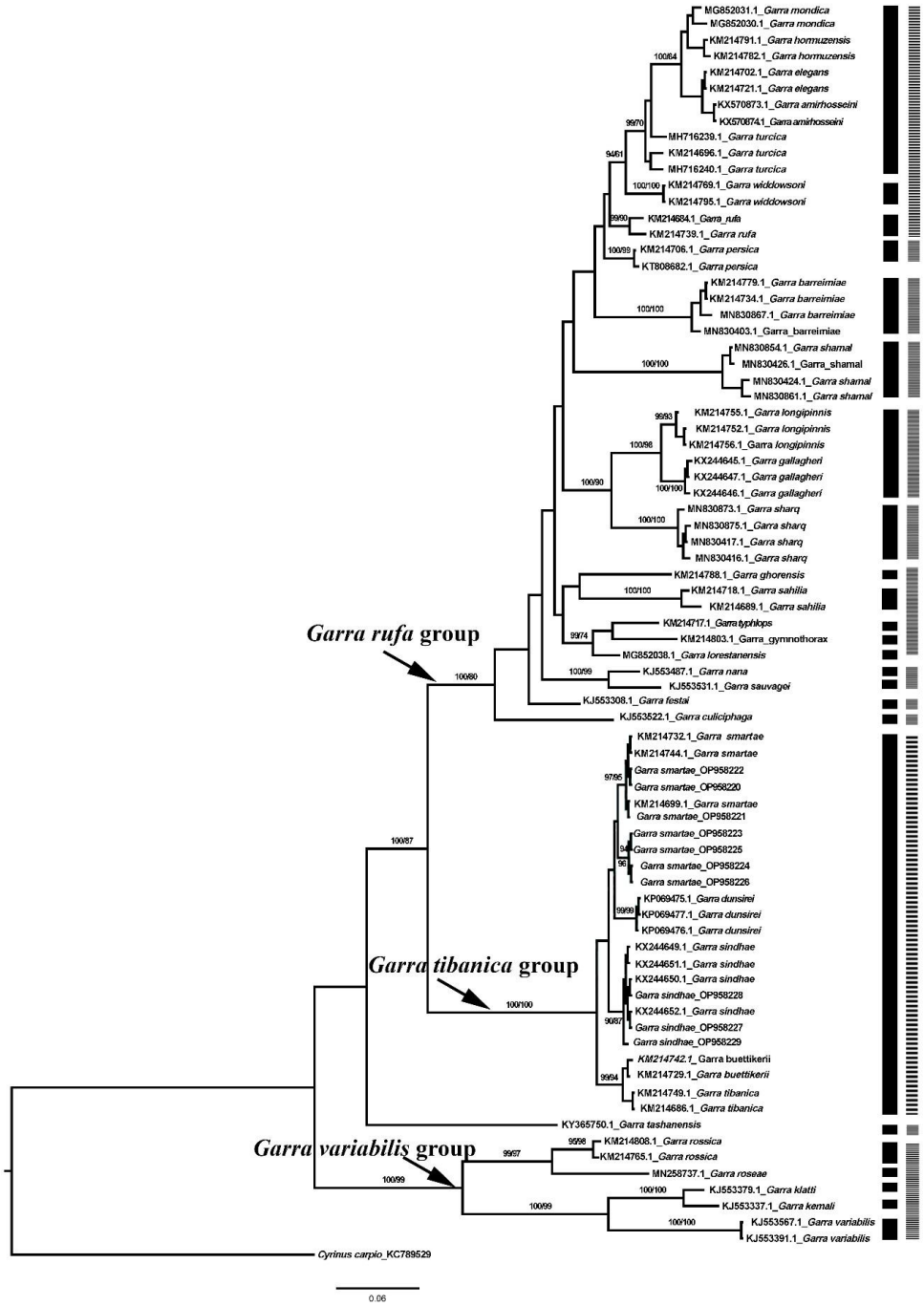
گروه *Garra variabilis* : این گروه به‌عنوان یک کلاد پایه و مجزا در درخت ظاهر شد و شامل گونه‌هایی مانند G. variabilis، *G. klatti*، *G. kemali*، *G. rossica* و *G. roseae* است.

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 کلاد 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 جفت‌گونه‌های *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 جفت‌گونه‌های *G. klatti – G. barreimiae* و *G. klatti – G. elegans* می‌باشد. فاصله‌های ژنتیکی بین‌کلادی به‌طور کلی بالاتر از فاصله‌های درون‌کلادی 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.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir



شکل ۳. درخت بیشترین درست نمایی و بیزین حاصل از توالی های سیتوکروم اکسیداز ۱ گونه های مورد مطالعه

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

JOMB
مجله زیست شناسی دریا
دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۵، صفحات: ۴۵-۵۴
https://jmb.ahvaz.iau.ir

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

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
G. barreimiae													
G. dunserei	13												
G. elegans	8	11											
G. hormuzensis	7	11	1										
G. kemali	17	16	16	15									
G. klatti	18	15	18	17	3								
G. mondica	7	11	1	1	16	17							
G. rossica	15	14	15	14	12	11	14						
G. roseae	15	14	15	14	12	12	14	5					
G. rufa	7	10	4	4	15	16	4	13	13				
G. shamal	11	14	8	8	18	18	9	15	16	8			
G. tashanensis	12	12	11	10	15	15	10	14	14	10	14		
G. tibanica	14	2	12	11	14	14	12	13	13	10	14	11	
G. variabilis	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 می دهند که حدود ۲۵ درصد از گونه‌های شناخته‌شده آن‌ها در خاورمیانه پراکنش دارند (Çiçek *et al*., 2024). این جنس به‌دلیل 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 نسبتا 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، عمدتا 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 معمولا 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 نسبتا

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

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 تایید 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., Esmaeili, 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. **Esmaeili, 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). Ichthyolology and Exploration of Freshwaters. 25: 223–236.
7. **Hashemzadeh Segherloo, I., Abdoli, A., Eagderi, S., Esmaeili, 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.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]

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.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-11-21]