



Original Research Paper

The study of molecular, and morphological characterization of fruit bats (new record of *Rousettus leschenaultii* in Iran)

Asghar Khajeh*

Department of Animal Science, Faculty Agriculture, Higher Education Complex of Saravan, Saravan, Iran

Key Words

R. aegyptiacus
R. leschenaultii
 Morphology
 Morphometry
 cyt b
 Phylogeny

Abstract

Introduction: The Egyptian fruit-eating bat (*Rousettus aegyptiacus*) is one of the most famous species that is widespread in the southern half of Iran. The taxonomic status of the Egyptian fruit bat (*R. aegyptiacus*) has been much debated. In this study, taxonomic situation of fruit bats of the genus *Rousettus* in Iran was examined.

Materials and Methods: Morphometric analyses were performed using seven external and 21 craniodental characters on the samples of the fruit bats from Sistan and Baluchestan province, southeast Iran. The mitochondrial cytochrome b (cyt b) marker was applied to assess phylogenetic relationships between species of the genus *Rousettus*.

Results: Morphological characteristics and molecular analyses revealed unexpected diversity within fruit bats in the south Iran and two species of megabats including *R. aegyptiacus* and *R. leschenaultii* were identified to be distributed in the south Iran. Phylogenetic trees inferred from BI and ML analyses of cyt b locus revealed that *R. aegyptiacus* populations were divided into five lineages and the Iranian population of *R. aegyptiacus* clustered with the Middle East samples.

Conclusion: Demographic analyses revealed a strong signature of population expansion of *R. aegyptiacus* and *R. leschenaultii* and also colonization of the Middle East Population of *R. aegyptiacus* from few refugia following extensive population bottleneck. We found very low genetic variation between different populations of *R. leschenaultii* throughout its range.

* Corresponding Author's email: asgharmn@yahoo.co.uk

Received: 28 March 2023; Reviewed: 29 April 2023; Revised: 2 July 2023; Accepted: 4 August 2023

(DOI):10.70102/AEJ.2025.16.2.1

مقاله پژوهشی

مطالعه ویژگی‌های مولکولی، ریخت‌سنجی و ریخت‌شناسی خفاش‌های میوه‌خوار ایران (ثبت گزارش جدید خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*Rousettus leschenaultii*))

اصغر خواجه*

گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، مجتمع آموزش عالی سراوان، سراوان، ایران

چکیده

کلمات کلیدی

R. aegyptiacus
R. leschenaultii
ریخت‌شناسی
ریخت‌سنجی
Cyt b
تبارزادی

مقدمه: خفاش میوه‌خوار مصری (*Rousettus aegyptiacus*) یکی از مشهورترین گونه‌هایی است که در نیمه جنوبی ایران گسترش وسیعی دارد. وضعیت رده‌بندی خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) بسیار مورد بحث بوده است. این بحث به علت محدوده گسترش وسیع و زندگی غیرمهاجر پیچیده می‌شود. در این مطالعه وضعیت آرایه شناختی خفاش‌های میوه‌خوار جنوب ایران با استفاده از داده‌های مولکولی DNA میتوکندری، ریخت‌شناسی و ریخت‌سنجی مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه هفت صفت خارجی و ۲۱ صفت جمجمه‌ای- دندان‌ی روی ۲۶ نمونه از خفاش‌های میوه‌خوار جنوب ایران و هم‌چنین از نشانگر سیتوکروم بی میتوکندری (cyt b) برای بررسی روابط تبارزادی بین گونه‌های جنس *Rousettus* در تمام محدوده پراکنش آن استفاده شد.

نتایج: داده‌های مولکولی، ریخت‌شناسی و ریخت‌سنجی تنوع قابل توجهی را درون خفاش‌های میوه‌خوار جنوب ایران نشان داد. در این مطالعه، دو گونه خفاش شامل؛ خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) با اندازه بزرگ‌تر و خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) با اندازه کوچک‌تر از ایران شناسایی شدند که گونه اخیر، خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) برای نخستین بار از ایران گزارش گردید و به چک لیست گونه‌های پستانداران کشور اضافه گردید.

بحث و نتیجه‌گیری: تحلیل‌های مولکولی پنج دودمان مستقل برای جمعیت‌های خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) در سرتاسر محدوده گسترش آن نشان داد که جمعیت‌های ایران با جمعیت‌های خاورمیانه در یک کلاد قرار گرفتند. هم‌چنین تنوع ژنتیکی بسیار پائینی میان جمعیت‌های خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در سرتاسر محدوده پراکندگی آن به دست آمد.

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: asgharmn@yahoo.co.uk

تاریخ دریافت: ۸ فروردین ۱۴۰۲؛ تاریخ داوری: ۹ اردیبهشت ۱۴۰۲؛ تاریخ اصلاح: ۱۱ تیر ۱۴۰۲؛ تاریخ پذیرش: ۱۳ مرداد ۱۴۰۲

(DOI):10.70102/AEJ.2025.16.2.1

مقدمه

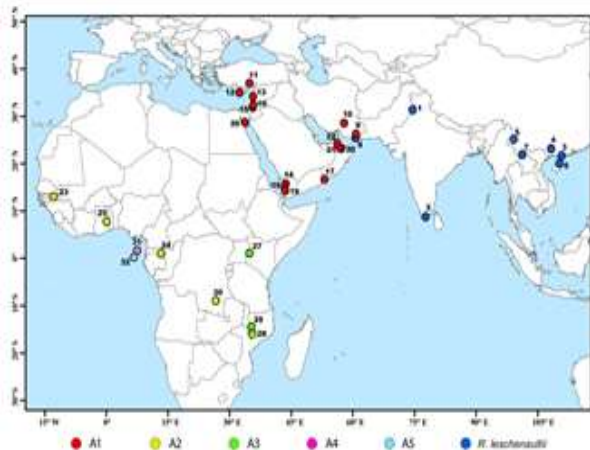
خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) و خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) به صورت هم‌جوار (Allopathic) در کراچی پاکستان گزارش شده‌اند (۲۰). این دو گونه اگرچه از لحاظ اندازه به سختی قابل تشخیص می‌باشند، خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) اندازه بزرگ‌تری دارد (طول بازو: ۸۳-۹۰ میلی‌متر در خفاش میوه‌خوار مصری در مقابل، طول بازو در خفاش میوه‌خوار لشنالتی: ۷۵-۸۶ میلی‌متر؛ طول دم: ۲۰-۱۴ در خفاش میوه‌خوار مصری در مقابل، طول دم در خفاش میوه‌خوار لشنالتی: ۲۱-۸ میلی‌متر)؛ هم‌چنین گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) طول کندیل و بازال بزرگ‌تر در مقایسه با خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) دارد (طول کندیل و بازال جمجمه: ۴۰/۴ - ۳۶/۹ در خفاش میوه‌خوار مصری در مقابل طول کندیل و بازال جمجمه: ۳۷/۷ - ۳۳/۵ در خفاش میوه‌خوار لشنالتی) (۲۱). تبارزادی جغرافیایی (Phylogeography) گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) براساس DNA میتوکندری و داده‌های ماکروستلایت (Microsatellite) دو یا پنج دودمان (Lineage) مجزا را از لحاظ جغرافیایی نشان داد (آفریقای زیر صحرای جنوب شرق آفریقا، جزیره پرینسیپ، جزیره سوتام و زاده‌های خاورمیانه) (۲۲). از طرفی، اشتقاق مولکولی و ریخت‌شناسی گونه خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) با استفاده از صفات جمجمه‌ای-دندانی، سیتوکروم بی میتوکندریایی (Cyt b) و ماکروستلایت‌ها نشان داد هیچ تفاوتی در بین جمعیت‌های گونه خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در جنوب شرق آسیا وجود ندارد (۲۳). هدف این مطالعه، بررسی وضعیت آرایه شناختی خفاش‌های میوه‌خوار جنوب ایران با استفاده از داده‌های مولکولی DNA میتوکندری، ریخت‌شناسی و ریخت‌سنجی است.

مواد و روش‌ها

نمونه برداری: طی مطالعه حاضر، ۲۶ نمونه خفاش جنس *Rousettus* از ۵ ایستگاه در جنوب شرق ایران با استفاده از تور نامرئی (Mist-nets) جمع‌آوری گردید (شکل ۱) (جدول ۱). گونه‌های خفاش‌های میوه‌خوار با استفاده از کلیدهای شناسایی معتبر شناسایی شدند (۲۴، ۲۵، ۴۶). **تحلیل ریخت‌شناسی و ریخت‌سنجی:** اندازه‌های هفت صفت خارجی و ۲۱ صفت دندانی-جمجمه‌ای خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) مورد بررسی قرار گرفتند (جدول ۲). به منظور تحلیل‌های ریخت‌سنجی از روش (Log-shape ratio) (۲۶) و تحلیل‌های آماری چندمتغیره بر اساس Clude (۴۹) انجام شد. جهت تجزیه و تحلیل داده‌های خطی برای این که هر اندازه به عنوان میانگین ژئومتریک همه اندازه‌ها تعریف شود همه داده‌های اندازه‌گیری شده به اندازه اصلی جهت به دست

خفاش‌های میوه‌خوار جنس *Rousettus* Gray، ۱۸۲۱ شامل ده گونه هستند و گسترش زیادی در جنوب اروپا، آفریقا، آسیا و استرالیا دارند (۱). براساس داده‌ها، آرایه‌های خفاش‌های میوه‌خوار از لحاظ ژنتیکی بسیار کم مطالعه شده‌اند. در واقع مطالعه جامعی بر روی وابستگی تبارزادی میان بیش‌تر از ۵۰ گونه خفاش موجود در ایران براساس داده‌های مولکولی انجام نشده است (۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷). ایران در یک منطقه انتقالی در رابطه با تبادل ژنتیکی میان جمعیت‌های خفاش‌های میوه‌خوار در سرتاسر محدوده وسیع گسترش آن از اتیوپی تا محدوده‌های شرقی می‌باشد و مطالعات ژنتیکی بسیار کمی بر روی ساختار جمعیت‌های خفاش‌های بزرگ کشور ایران وجود دارد و وضعیت رده‌بندی خفاش‌های میوه‌خوار خیلی کم مطالعه شده است. تاکنون از ایران تنها گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*Rousettus aegyptiacus*) Geoffroy, 1810 گزارش شده است (۸، ۹، ۱۰) و این گونه تنها گونه زیر رده خفاش‌های بزرگ در چک لیست خفاش‌های ایران ذکر شده است (۱۱، ۱۲). خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) یکی از مشهورترین گونه‌ها است که در نیمه جنوبی ایران گسترش وسیعی دارد (۱۳). وضعیت رده‌بندی خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) بسیار مورد بحث بوده است. این بحث زمانی که با تاریخ تکاملی آن ادغام می‌شود به علت محدوده گسترش بسیار وسیع و زندگی غیرمهاجر بسیار پیچیده می‌شود (۱۴). خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) یک محدوده گسترش وسیع در سرتاسر پالئارکتیک دارد و یک گونه پلی‌تیپیک با شش زیرگونه شامل: *R. a. aegyptiacus* از مصر و شام، قبرس و ترکیه؛ *R. a. arabicus* در جنوب عربستان، ایران و پاکستان؛ *R. a. leachii* شامل آفریقای مرکزی و شرقی؛ *R. a. unicolor* آفریقای غربی، مرکزی و جنوب شرقی؛ *R. a. princeps* از جزایر پرینسیپ (Principe Island) خلیج گینه؛ *R. a. tomensis* از جزیره سوتام (São Tome Island)، خلیج آفریقای گینه (۱۵، ۱۶، ۱۷). خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*Rousettus leschenaultii* Desmarest, 1820) به لحاظ ریخت‌شناسی شبیه گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) هست که سه زیرگونه مورد بحث دارد: *R. l. aegyptiacus* در هند-همیالایا و چین؛ *R. l. seminudus* در سریلانکا گسترش دارد و *R. l. shortridgei* که از جاوا در اندونزی گزارش شده است (۱۸، ۱۹). محدوده پراکندگی گونه خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) شامل جنوب چین، بنگلادش، ویتنام، مالزی، تعدادی جزایر در اندونزی، کامبوج، نپال و سریلانکا است. این گونه هم‌چنین محدوده گسترش اندکی در غرب پاکستان (پنجاب و سند) دارد جایی که غربی‌ترین محدوده مرز محدوده گسترش آن در جهان می‌باشد (۱۳). دو گونه خفاش میوه‌خوار شامل؛

تحلیل‌های ما اضافه شدند. علاوه بر این از *Cynopterus* (JN398205)، *sphinx* (FJ489992)، *Eonycteris robusta* (JN398201)، and (Outgroup) *Epomophorus minor* (KT875805) به عنوان بیرون گروه استفاده شد (جدول ۳).



شکل ۱: ایستگاه‌های نمونه برداری خفاش میوه خوار مصری

(*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه خوار لشنالتی

(*R. leschenaultii*). رنگ‌ها، کلادها و زیر کلادها را در شکل ۴

مشخص می‌کنند (خفاش میوه خوار مصری *R. aegyptiacus*: قرمز،

زیر کلاد A1: زیتونی، زیر کلاد A2: سبز، زیر کلاد A3: ارغوانی، زیر

کلاد A4: آبی آسمانی، زیر کلاد A5 و آبی تیره، خفاش میوه خوار

لشنالت (*R. leschenaultii*).

اعداد با اطلاعات ایستگاه‌های نمونه برداری مشخص شده در جدول ۴ مطابقت دارد.

استخراج و خالص سازی DNA: DNA نمونه‌های بافتی با استفاده

از روش استاندارد نمکی استخراج شد (۲۸). واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز و توالی‌یابی ژن سیتوکروم بی-میتوکندری (Cyt b) با استفاده از جفت آغازگر 5'-ACT AAT GAC ATG AAA AATCAT (cyt b L7) / 3'-CGT T-3' / cyt b H6 (5'-TCT TCA TTT TTG GTT TAC AAGAC-3') (۲۹) با استفاده از دستورالعمل توضیح داده شده توسط Mohammadi و همکاران (۱۲) صورت گرفت.

بازسازی روابط تبارزادی: توالی‌های ژن Cyt b میتوکندری ابتدا

توسط چشم به توجه به گراف هر توالی و ویرایش و سپس توسط الگوریتم ClustalW (۳۰) و در نرم‌افزار Bioedit 7 (۳۱) هم‌تراز شدند. روابط تبارزادی با استفاده از ۱۰۴ توالی ژن سیتوکروم بی (Cyt b) شامل ۴۲ توالی خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) (شش نمونه این مطالعه به علاوه ۳۶ نمونه از بانک جهانی ژن)؛ ۴۲ توالی از خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) (۴ نمونه مربوط به این مطالعه به علاوه ۳۸ نمونه از بانک جهانی ژن)؛ ۱۴ توالی از سایر گونه‌های جنس *Rousettus* و پنج توالی مربوط به برون گروه ترسیم شدند.

آوردن نسبت‌های شکل تقسیم شدند. لگاریتم این کمیت به عنوان داده‌های خام برای تحلیل‌های بعدی مورد استفاده قرار گرفت. مدل‌های خطی چندگانه برای بررسی تاثیر جنس و گونه بر روی اندازه ژئومتریک تخمین زده شد. معنی‌داری این فاکتورها با استفاده از آزمون MANOVA نوع II مجموع مربعات برای کاهش خطا بررسی شد تا تاثیر هر فاکتور در مقابل همه فاکتورهای دیگر بررسی شود. متشابه‌ها، مدل خطی چندگانه و چندمتغیره بر روی اجزاء اصلی متغیرهای شکلی به کار گرفته شد. به منظور انجام تجزیه و تحلیل چندمتغیره واریانس‌ها، تحلیل مولفه‌های اصلی تنها روی پنج مولفه اول نسبت شکلی انجام شد و چهار مولفه اصلی اول حفظ شدند. برای تجسم چگونگی تنوع شکلی، طرح PC مشخص کننده دستبندی چند متغیره افراد بر روی اولین دو محور PC با استفاده از رنگ‌های متفاوت و نشانه‌ها برای گونه‌ها و جنس‌ها مشخص شد. برای تعیین این‌که ویژگی‌های شکل تاثیر بیش‌تری بر روی هر PC دارد، سهم متغیرهای اصلی بر روی بردارهای ویژه مربوطه تجزیه و تحلیل شدند. تحلیل خطی ممیزی نسبت‌های شکلی لگاریتم بر روی نمونه‌های شناسایی شده ریخت‌شناسی و ژنتیکی با استفاده از گونه‌ها به عنوان فاکتور گروه انجام شد. تحلیل‌ها با استفاده از نرم‌افزار R ۳.۵.۲ انجام شد (۲۷).

جدول ۱: تعداد نمونه‌های خفاش میوه خوار مصری

(*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*)

جمع‌آوری شده بر اساس جنسیت، گونه و ایستگاه نمونه برداری در

ایران (استان سیستان و بلوچستان).

ایستگاه نمونه برداری	گونه			
	خفاش میوه خوار لشنالتی (تعداد = ۴)		خفاش میوه خوار مصری (تعداد = ۲۲)	
	نر	ماده	نر	ماده
غار استرآباد، قصر قند	۱	۲	-	-
غار کرگدان، قصر قند	۱	۹	-	-
غار خرپشت، عنبرآباد	۳	۳	-	-
غار الیکان، قصر قند	۱	۲	-	-
غار تیس، چاپهار	-	-	۲	۲

تحلیل‌های مولکولی: در مجموع، ده نمونه خفاش میوه خوار

شامل شش نمونه خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و چهار نمونه خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) جهت مطالعات مولکولی مورد استفاده قرار گرفتند. نمونه‌های بافتی از ماهیچه‌ها و کبد گرفته شدند و در الکل اتانول ۹۵ درصد نگهداری شدند. از سویی، ۸۸ توالی جنس *Rousettus* از بانک جهانی ژن گرفته شدند و به

برای روابط تبارزادی از روش‌های بیشینه احتمال Maximum likelihood (ML) و بیزین (BI) Bayesian inference استفاده شد. از نرم‌افزار jModeltest برای انتخاب بهترین مدل تکامل مولکولی استفاده شد براساس معیار اطلاعات بیزین (۳۲) برای استنباط بیزین (BI) و معیار اطلاعات Akaike (۳۳) برای تحلیل بیشینه احتمال (ML) استفاده شد. براساس داده‌های حاضر TN93+G به عنوان بهترین مدل انتخاب شد و سپس داده‌ها براساس روش بیزین (BI) در نرم‌افزار BEAST ۲.۲.۱ تجزیه و تحلیل شدند (۱۸). تحلیل بیزین با ۱۰۰ میلیون تکرار با استفاده از روش Markov Chain Monte Carlo (MCMC) اجرا شد. از هر ۵۰۰۰ تکرار پارامترها و توپولوژی درخت مولکولی نمونه‌برداری شدند و ۲۵ درصد اول درختان مولکولی به عنوان Burn it

سوزانده شدند و درخت اجماع از درخت‌های باقی‌مانده محاسبه شد. درخت مولکولی با کلادهای بیشینه احتمال با بیش‌ترین میانگین توسط نرم‌افزار TreeAnnotator v. ۲.۲ محاسبه شد (۳۴). در نهایت درخت بانرم‌افزار Figtree ۱.۴.۳ ترسیم شد (۳۴). تحلیل بیشینه احتمال (ML) با استفاده از نرم‌افزار RaxML version ۷.۴.۲ مشابه تحلیل‌های صورت گرفته در نرم‌افزار BEAST انجام شد (۳۵). با ۱۰۰۰ بوت استرپ تکرار شد و سایر پارامترها به عنوان پیش‌فرض نرم‌افزار در نظر گرفته شدند. این تحلیل در وبگاه CIPRES Science Gateway انجام شد (۲۷). هم‌چنین فاصله ژنتیکی میان دودمان‌های ژنتیکی با استفاده از مدل Kimura two-parameter (K2P) در نرم‌افزار ۶ Mega انجام شد (۳۶).

جدول ۲: صفات اندازه‌گیری شده ظاهری و دندانی - مجموعه‌ای خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*)

شماره	صفت	نشانه اختصاری	Charachters
۱	طول سر و بدن	HBL	Head and body length
۲	طول پوزه تا مخرج	BL	Snout to anus length
۳	طول گوش	EL	Ear Length
۴	عرض گوش	EW	Ear width
۵	طول پا	FL	Foot length
۶	طول دم	TL	Tail length
۷	طول ساعد	FAL	Forearm length
۸	بیش‌ترین طول جمجمه	GLS	Greatest length of the skull
۹	طول کندیل و بازال	CBL	Condylbasal length
۱۰	فاصله بین حدقه‌ای	IFR	Interorbital width
۱۱	پهنای ماستوئیدی	MB	Mastoid breath
۱۲	ارتفاع پوزه	HR	Height of rostrum
۱۳	ارتفاع جمجمه	HS	Height of skull
۱۴	پهنای پوزه میان سومین دندان آسیای بالایی	(WM3M3)	Rostral width between 3 rd upper molars
۱۵	طول ردیف دندان آسیای بالایی میان دندان نیش و سومین دندان آسیای بالایی	(LCM3)	Length of upper tooth row betw. canine and hird molar
۱۶	طول کپسول شنوایی	(LTB)	Length of tympanic bulla
۱۷	طول دندان آسیای بالایی میان اولین دندان پیش و نیش	(LI1C)	Length of upper tooth row betw. first incisor and canine
۱۸	طول دندان آسیای بالایی میان اولین پیش آسیا و سومین دندان آسیا	(LP1M3)	Length of upper tooth row betw. 1st premolar and 3rd molar
۱۹	پهنای زیگوماتیک	(ZYW)	Zygomatic width
۲۰	پهنای محدوده پس حدقه‌ای	(LaP)	Width of postorbital constriction
۲۱	پهنای ناحیه بینی میان دندان‌های نیش بالایی	(CC)	Rostral width between upper canines
۲۲	پهنای ناحیه بینی میان دومین دندان آسیای بالایی	(M2M2)	Rostral width betw. 2 nd upper molars
۲۳	طول دندان آسیای بالایی میان دندان نیش و دومین دندان آسیای	(CM2)	Length of upper tooth-row betw. canine and 2 nd molar
۲۴	ارتفاع ماندیبل	(HMD)	Mandible height
۲۵	طول ماندیبل	(LMD)	Mandible length
۲۶	طول دندان‌های آسیای پایینی میان اولین دندان نیش و سومین دندان آسیا	(Li1m3)	Length of lower tooth-row betw. first incisor and third molar
۲۷	ارتفاع زائده کروئوئید	(ACo)	Height of coronoid process
۲۸	طول دندان‌های آسیای پایینی میان اولین دندان نیش و دندان آسیای سوم	(CM3)	Length of lower tooth-row betw. canine and 3 rd molar

جدول ۳: لیست گونه‌ها، کلادها، منشا جغرافیایی، شماره هابلوتایپ، طول و عرض جغرافیایی و شماره بانک جهانی. شماره‌های تیره، ایستگاه‌های نمونه‌برداری موجود در نقشه (شکل ۱) را نشان می‌دهند.

Accession number	No. on the map	Lon.	Lat.	Locality	Country	No. Hap	clade	Taxon	No.
ZMS۲۵	۹	۶۰/۷۴	۲۶/۲۳	Ghasr ghand, Ghanat Alikan	Iran	H۶	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱
ZMS۱۱۲	۹	۶۰/۷۴	۲۶/۲۳	GHasr Ghand, Ghanat Kargadan	Iran	H۱	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۲
ZMS۲۴	۹	۶۰/۷۴	۲۶/۲۳	GHasr Ghand, Ghanat Kargadan	Iran	H۳	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۳
ZMS۴۳	۹	۶۰/۷۴	۲۶/۲۳	Ghasr Ghand, Ghanat Ester Abad	Iran	H۵	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۴
ZMS۰۱	۱۰	۵۷/۸۵	۲۸/۴۸	Anbarabad, Kharposht cave	Iran	H۲	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۵
ZMS۲۸	۱۰	۵۷/۸۵	۲۸/۴۸	Anbarabad, Kharposht cave	Iran	H۴	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۶
JX۲۷۴۴۷۹	۱۱	۳۴/۷۸	۳۶/۹۵	Sayköy, W of Tarsus	Turkey	H۲۴	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۷
JX۲۷۴۴۷۴	۱۲	۳۲/۳۸	۳۵/۰۰	Prodromi, Androlikou Gorge	Cyprus	H۲۸	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۸
JX۲۷۴۴۸۲	۱۳	۳۵/۶۶	۳۴/۱۵	Aamchite, Saleh Cave	Lebanon	H۲۱	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۹
JX۲۷۴۴۸۱	۱۴	۴۳/۶۲	۱۵/۷۳	Halhal, NE of Hajja	Yemen	H۲۲	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۰
JX274468	۱۵	۳۵/۶۲	۳۱/۸۸	Jufat al-Qafrayn	Jordan	H۶	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۱
JX۲۷۴۴۸۳	۱۶	۳۵/۷۲	۳۲/۳۲	Kufranja, Iraq Al Wahaj Cave	Jordan	H20	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۲
JX۲۷۴۴۷۶	۱۷	۵۳/۰۸	۱۶/۶۶	Hawf	Yemen	H۲۷	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۳
JX۲۷۴۴۷۷	۱۷	۵۳/۰۸	۱۶/۶۶	Hawf	Yemen	H۲۶	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۴
JX۲۷۴۴۷۸	۱۸	۴۳/۴۲	۱۴/۸۶	Jebel Bura, W of Riqab	Yemen	H۲۵	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۵
JX۲۷۴۴۸۰	۱۹	۴۳/۵	۱۴/۱۶	Wadi Zabid, SE of Al Mawkir	Yemen	H۲۳	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۶
JX۲۷۴۴۷	۲۰	۵۷/۲۲	۲۳/۲	Al Nakhar	Oman	H۷	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۷
JX۲۷۴۴۸۵	۲۱	۵۶/۶۵	۲۳/۳۲	Dhahir Al Fawaris	Oman	H۱۸	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۸
JX274484	۲۲	۵۶/۱۳	۲۴/۳۲	Khutwa	Oman	H۱۹	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۱۹
JX۲۷۴۴۹۶	۲۶	۳۳/۶۶	۲۸/۷	Sinai, Wadi El Feiran	Egypt	H۸	A۱	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۰
JX۲۷۴۴۹۵	۲۳	۱۲/۹۴-	۳۳/۰۰	Niokolo	Senegal	H۹	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۱
JX۲۷۴۴۸۷	۲۴	۱۳/۲	۰/۹۸	Belinga Mts	Gabon	H۱۷	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۲
JX۲۷۴۴۸۸	۲۴	۱۳/۲	۰/۹۸	Belinga Mts	Gabon	H۱۶	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۳
JX۲۷۴۴۸۹	۲۴	۱۳/۲	۰/۹۸	Belinga Mts	Gabon	H۱۵	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۴
JX۲۷۴۴۹۰	۲۴	۱۳/۲	۰/۹۸	Belinga Mts	Gabon	H۱۴	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۵
JX۲۷۴۴۹۱	۲۵	-۰/۰۲	۷/۷۲	Buoyem	Ghana	H۱۳	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۶
JX۲۷۴۴۹۲	۲۵	-۰/۰۲	۷/۷۲	Buoyem	Ghana	H۱۲	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۷
JX۲۷۴۴۶۵	۲۸	۳۵/۵۲	-۱۵/۹۶	Mulanje-Chitakali	Malawi	H۳۱	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۸
JX۲۸۳۲۸۹	۳۰	۲۶/۵۸	-۸/۹۸	Upemba Park	DR Congo	H۲۲	A۲	<i>R. aegyptiacus</i>	۲۹
JX۲۷۴۴۹۳	۲۷	۳۴/۷۸	۱/۰۳۳	Mt. Elgon	Kenya	H۱۱	A۳	<i>R. aegyptiacus</i>	۳۰
JX۲۷۴۴۹۴	۲۷	۳۴/۷۸	۱/۰۳۳	Mt. Elgon	Kenya	H۱۰	A۳	<i>R. aegyptiacus</i>	۳۱
JX۲۷۴۴۶۶	۲۸	۳۵/۵۲	-۱۵/۹۶	Mulanje-Chitakali	Malawi	H۳۰	A۳	<i>R. aegyptiacus</i>	۳۲
JX۲۷۴۴۶۷	۲۹	۳۲/۲۵	-۱۴/۵۵	Mpalanganga	Malawi	H۲۹	A۳	<i>R. aegyptiacus</i>	۳۳
MH۹۹۹۹۰۵	۳۱	۷/۴۲	۱/۶۲	Príncipe Island	STP	H۴۱	A۴	<i>R. a. princeps</i>	۳۴
MH۹۹۹۹۰۷	۳۱	۷/۴۲	۱/۶۲	Príncipe Island	STP	H۳۹	A۴	<i>R. a. princeps</i>	۳۵
MH۹۹۹۹۰۶	۳۱	۷/۴۲	۱/۶۲	Príncipe Island	STP	H۴۰	A۴	<i>R. a. princeps</i>	۳۶
MH۹۹۹۹۰۹	۳۱	۷/۴۲	۱/۶۲	Príncipe Island	STP	H۳۷	A۴	<i>R. a. princeps</i>	۳۷
MH۹۹۹۹۰۸	۳۱	۷/۴۲	۱/۶۲	Príncipe Island	STP	H۳۸	A۴	<i>R. a. princeps</i>	۳۸
MH۹۹۹۹۱۱	۳۲	۶/۶۵	-۰/۲	São Tomé island	STP	H۳۶	A۵	<i>R. a. tomensis</i>	۳۹
MH۹۹۹۹۱۲	۳۲	۶/۶۵	-۰/۲	São Tomé island	STP	H۳۵	A۵	<i>R. a. tomensis</i>	۴۰
MH۹۹۹۹۱۳	۳۲	۶/۶۵	-۰/۲	São Tomé island	STP	H۳۴	A۵	<i>R. a. tomensis</i>	۴۱
MH۹۹۹۹۱۴	۳۲	۶/۶۵	-۰/۲	São Tomé island	STP	H۳۳	A۵	<i>R. a. tomensis</i>	۴۲
GU۲۳۸۶۸۰		۶/۶۵	-۰/۲	Madagascar			B	<i>R. madagascariensis</i>	۴۳
GU۲۳۸۷۱۷				Madagascar			B	<i>madagascariensis</i>	۴۴
MH۹۹۹۹۵۰				Madagascar			B	<i>madagascariensis</i>	۴۵
GU۲۳۸۷۵۴				Comoros			C	<i>R. obliviosus</i>	۴۶
GU۲۳۸۷۷۱				Comoros			C	<i>R. obliviosus</i>	۴۷

Accession number	No. on the map	Lon.	Lat.	Locality	Country	No. Hap	clade	Taxon	No.
GU228764				Comoros			C	<i>R. oblioviosus</i>	48
ZMS24	8	60/64	25/36	Chabahar, Tees cave	Iran	H42	D	<i>R. leschenaultii</i>	49
ZMS25	8	60/64	25/36	Chabahar, Tees cave	Iran	H42	D	<i>R. leschenaultii</i>	50
ZMS26	8	60/64	25/36	Chabahar, Tees cave	Iran	H43	D	<i>R. leschenaultii</i>	51
ZMS27	8	60/64	25/36	Chabahar, Tees cave	Iran	H44	D	<i>R. leschenaultii</i>	52
MH999939	1	74/5	31/32	Badian (Lahore)	Pakistan	H45	D	<i>R. leschenaultii</i>	53
MH999934	1	74/5	31/32	Badian (Lahore)	Pakistan	H46	D	<i>R. leschenaultii</i>	54
MH999910	1	74/5	31/32	Badian (Lahore)	Pakistan	H48	D	<i>R. leschenaultii</i>	55
MH999915	1	74/5	31/32	Badian (Lahore)	Pakistan	H47	D	<i>R. leschenaultii</i>	56
FJ489957	2	77/7	8/73	Cheranmahadevi, Tamil Nadu	India	H53	D	<i>R. leschenaultii</i>	57
FJ489954	2	77/7	8/73	Cheranmahadevi, Tamil Nadu	India	H56	D	<i>R. leschenaultii</i>	58
FJ489955	2	77/7	8/73	Cheranmahadevi, Tamil Nadu	India	H55	D	<i>R. leschenaultii</i>	59
FJ489953	2	77/7	8/73	Cheranmahadevi, Tamil Nadu	India	H57	D	<i>R. leschenaultii</i>	60
FJ549337	2	77/7	8/73	Cheranmahadevi, Tamil Nadu	India	H51	D	<i>R. leschenaultii</i>	61
FJ489956	2	77/7	8/73	Cheranmahadevi, Tamil Nadu	India	H54	D	<i>R. leschenaultii</i>	62
JN572099	3	72/82	18/97	Maharashtra State	India	-	D	<i>R. leschenaultii</i>	63
FJ489943	3	110/88	21/66	Maoming Guangdong	China	H66	D	<i>R. leschenaultii</i>	64
FJ489945	3	110/88	21/66	Maoming Guangdong	China	H64	D	<i>R. leschenaultii</i>	65
FJ489944	3	110/88	21/66	Maoming Guangdong	China	H65	D	<i>R. leschenaultii</i>	66
FJ489946	3	110/88	21/66	Maoming Guangdong	China	H51	D	<i>R. leschenaultii</i>	67
FJ489947	3	110/88	21/66	Maoming Guangdong	China	H63	D	<i>R. leschenaultii</i>	68
FJ489942	4	108/27	23/15	Wuming Guangxi	China	H67	D	<i>R. leschenaultii</i>	69
FJ489937	4	108/27	23/15	Wuming Guangxi	China	H58	D	<i>R. leschenaultii</i>	70
FJ489938	4	108/27	23/15	Wuming Guangxi	China	H71	D	<i>R. leschenaultii</i>	71
FJ489941	4	108/27	23/15	Wuming Guangxi	China	H68	D	<i>R. leschenaultii</i>	72
FJ489939	4	108/27	23/15	Wuming Guangxi	China	H70	D	<i>R. leschenaultii</i>	73
FJ489940	4	108/27	23/15	Wuming Guangxi	China	H69	D	<i>R. leschenaultii</i>	74
LC424661	5	99/16	25/11	Baoshan ,Yunnan	China	H50	D	<i>R. leschenaultii</i>	75
LC424662	5	99/16	25/11	Baoshan ,Yunnan	China	H49	D	<i>R. leschenaultii</i>	76
FJ489936	6	110/34	20/04	Haikou Hainan Island	China	H72	D	<i>R. leschenaultii</i>	77
FJ489935	6	110/34	20/04	Haikou Hainan Island	China	H73	D	<i>R. leschenaultii</i>	78
FJ489932	6	110/34	20/04	Haikou Hainan Island	China	H76	D	<i>R. leschenaultii</i>	79
FJ489931	6	110/34	20/04	Haikou Hainan Island	China	H71	D	<i>R. leschenaultii</i>	80
FJ489934	6	110/34	20/04	Haikou Hainan Island	China	H74	D	<i>R. leschenaultii</i>	81
FJ489933	6	110/34	20/04	Haikou Hainan Island	China	H75	D	<i>R. leschenaultii</i>	82
FJ489950	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H60	D	<i>R. leschenaultii</i>	83
FJ489948	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H62	D	<i>R. leschenaultii</i>	84
FJ489952	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H58	D	<i>R. leschenaultii</i>	85
FJ489949	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H61	D	<i>R. leschenaultii</i>	86
FJ489951	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H59	D	<i>R. leschenaultii</i>	87
EU434956	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H52	D	<i>R. leschenaultii</i>	88
DQ888669	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H51	D	<i>R. leschenaultii</i>	89
MG570061	7	101/25	21/92	Menglun Yunnan	China	H51	D	<i>R. leschenaultii</i>	90
AB046328				Philippines			E	<i>R. amplexicaudatus</i>	91
AB046329							E	<i>R. amplexicaudatus</i>	92
MH999934							E	<i>R. amplexicaudatus</i>	93
KT875796				Vietnam			F	<i>Rousettus</i> sp	94
KX833316							F	<i>Rousettus</i> sp	95
EF105522				Malaysia			G	<i>R. spinalatus</i>	96
EF105523				Malaysia			G	<i>R. spinalatus</i>	97

Accession number	No. on the map	Lon.	Lat.	Locality	Country	No. Hap	clade	Taxon	No.
EF۱۰۵۵۲۴				Malaysia			G	<i>R. spinalatus</i>	۹۸
JX۲۷۴۴۷۳								<i>Stenonycteris lanosus</i>	۹۹
MN۰۶۴۷۴۷								<i>Stenonycteris lanosus</i>	۱۰۰
JN۳۹۸۲۰۵								<i>Myonycteris angolensis</i>	۱۰۱
FJ۴۸۹۹۹۲								<i>Cynopterus sphinx</i>	۱۰۲
JN۳۹۸۲۰۱								<i>Eonycteris robusta</i>	۱۰۳
KT۸۷۵۷۰۵								<i>Epomophorus minor</i>	۱۰۴

نتایج

ریخت شناسی: در خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*)

غار تیس چابهار، دم کوچکی در قسمت میانی غشای بین رانی بیرون زده است؛ گوش ها عریان و یا با موهای کوچکی پوشیده شدند. پشت گردن و شانه ها عمدتاً مودار هستند در حالی که این نواحی در خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) دارای موی بسیار اندکی هستند. سطح پشتی بدن خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در ماده ها قهوه ای متمایل به زرد و در نرها نواحی جانبی خاکستری رنگ می شوند؛

در حالی که در خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) سطح پشتی بدن قهوه ای متمایل به خاکستری، قاعده موها رنگ پریده و رنگ سطح شکمی خاکستری-قهوه ای چرکی هست. نرها موهای گسترش یافته روی گلو دارند. ساعد در خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در مقایسه با خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) کوتاه تر است؛ نوک گوش ها مخروطی و پهن نیست؛ انگشت شست و بال ها نسبت به خفاش میوه خوار مصری کوتاه تر است؛ پوزه پوشیده از مو و کوتاه تر از خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) است (شکل ۲).



A



C



B



D

شکل ۲: نمای سطح پشتی (A)، سطح شکمی (B) از خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*)، غار استرآباد، قصر قند. نمای سطح پشتی (C)، سطح شکمی (D) از خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) غار تیس، چابهار

ریخت‌سنجی: تحلیل‌های ریخت‌سنجی نشان داد که خفاش

میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) در همه صفات ریخت‌سنجی مورد بررسی به جز طول دم (TL) و عرض ناحیه پس حذقه‌ای (LaP) از خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) بزرگ‌تر است. آزمون توکی (Tukey's test) بیانگر تفاوت معنی‌داری میان اکثر متغیرهای خارجی و حجمه‌ای-دندانی (جز HS و HBL, BL, WL, FL) میان دو گونه می‌باشد ($P \leq 0.05$)؛ ضمن این‌که خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) از خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) از لحاظ ریختی به وسیله اندازه بدن و حجمه بزرگ‌تر قابل تشخیص هست (جدول ۴). نتایج مجموع مربعات نوع II مشخص نمود که اندازه تحت تاثیر فاکتورهای مستقل جنس و گونه هست اما تحت اثرات بر هم‌کنش این دو فاکتور نیست (جدول ۵)، این امر بیانگر عدم معنی‌داری دو ریختی جنسی (Sexual Dimorphism) میان دو

گونه است. هم‌چنین اثرات متقابل فاکتورهای (اندازه-جنسیت، اندازه-گونه و جنسیت-گونه) نشان از معنی‌داری این فاکتورها را می‌دهد، پس دو ریختی مبتنی بر جنس و اندازه بین دو گونه‌ها متفاوت می‌باشد. نتایج ما نشان داد که تغییرات شکل حجمه‌ای و دندانی بالغ‌ها توسط فاکتور گونه، تحت تاثیر قرار می‌گیرد (جدول ۵)؛ بنابراین الگوی رشد آلومتریک در میان گونه‌ها متفاوت هست. تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA) براساس ماتریکس واریانس-کوواریانس حاصل از متغیرهای اندازه‌ای اصلاح شده صورت گرفت که طی آن پنج مولفه اصلی (PCs) در برگیرنده ۹۷/۷۲ درصد تغییرات صفات به‌دست آمد. مولفه اول (PCI) ۷۷/۶ درصد از تنوع شکل و مولفه دوم ۱۲/۹ درصد را نشان داد (شکل ۳). دو مولفه اول PC می‌توانند تفاوت بین دو گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و لشنالتی (*R. leschenaultii*) را نشان دهند.

جدول ۴: آمارهای توصیفی ۷ صفت خارجی و ۲۱ صفت دندانی-حجمه‌ای خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*)

P value	<i>R. leschenaultii</i> (n=4)		<i>R. aegyptiacus</i> (n=22)		Species
	Male (n=2)	Female (n=2)	Male (n=6)	Female (n=16)	Sex
	Mean±Sd	Mean±Sd	Mean±Sd	Mean±Sd	Character
۰/۱۷	۱۲۹/۰۰±۵/۶۶	۱۲۱/۰۰±۲/۸۳	۱۳۹/۳۳±۸/۶۶	۱۳۰/۳۸±۱۰/۶۳	HBL
۰/۱۶	۱۱۶/۵۰±۲/۱۲	۱۱۳/۵۰±۶/۳۶	۱۳۱/۳۳±۷/۸۹	۱۱۸/۹۴±۸/۳۸	BL
***	۲۰/۰۰±۰/۰۰	۲۰/۰۰±۰/۰۰	۲۲/۵۰±۱/۲۳	۲۲/۱۳±۰/۸۸	EL
۰/۳۰	۱۲/۵۰±۰/۷۱	۱۲/۰۰±۰/۰۰	۱۳/۰۰±۱/۴۱	۱۲/۸۱±۱/۰۵	WL
۰/۱۱	۳۸/۰۰±۱/۴۱	۳۷/۰۰±۱/۴۱	۴۰/۶۷±۳/۵۶	۳۹/۷۵±۲/۷۷	FL
*	۱۶/۵۰±۰/۷۱	۱۶/۰۰±۰/۰۰	۱۳/۳۳±۲/۶۵	۱۳/۸۱±۱/۸۰	TL
***	۸۰/۵۰±۳/۵۴	۷۶/۵۰±۰/۷۱	۹۰/۵۰±۲/۲۶	۸۷/۷۵±۳/۱۱	FAL
***	۳۷/۵۹±۰/۳۸	۳۶/۱۴±۰/۵۷	۴۰/۹۴±۰/۵۰	۴۰/۲۸±۰/۸۵	GL
***	۳۵/۳۵±۰/۴۱	۳۵/۲۳±۰/۶۴	۳۹/۵۰±۰/۶۵	۳۸/۸۴±۰/۷۵	CBL
*	۸/۳۶±۰/۲۰	۸/۱۰±۰/۵۱	۸/۴۶±۰/۳۳	۸/۲۰±۰/۳۴	IFR
***	۱۵/۴۴±۰/۲۶	۱۵/۰۵±۰/۰۷	۱۶/۵۱±۰/۴۷	۱۶/۱۸±۰/۲۸	MB
***	۹/۷۰±۰/۰۸	۹/۶۶±۰/۲۳	۱۱/۰۲±۰/۴۲	۱۰/۷۳±۰/۳۷	HR
۰/۱۰	۱۳/۵۴±۰/۲۳	۱۳/۰۲±۰/۵۹	۱۳/۷۲±۰/۴۸	۱۳/۶۲±۰/۳۵	HS
***	۱۱/۲۲±۰/۱۶	۱۰/۹۹±۰/۰۰	۱۲/۵۰±۰/۱۶	۱۱/۹۹±۰/۳۸	WM3M3
***	۱۳/۹۴±۰/۴۰	۱۳/۳۸±۱/۱۹	۱۵/۹۸±۰/۲۳	۱۵/۳۹±۰/۲۳	LCM3
***	۳/۸۲±۰/۱۱	۳/۶۰±۰/۴۸	۴/۲۱±۰/۱۵	۴/۴۷±۰/۳۰	LTB
**	۴/۶۲±۰/۶۲	۴/۳۱±۰/۳۵	۵/۲۷±۰/۴۶	۴/۹۸±۰/۲۹	LI1C
***	۱۲/۳۴±۰/۱۴	۱۲/۹۸±۰/۶۵	۱۳/۹۸±۰/۶۵	۱۳/۶۶±۰/۲۹	LP1M3
***	۲۱/۹۴±۰/۱۱	۲۲/۳۷±۰/۱۳	۲۵/۰۱±۰/۸۸	۲۴/۰۸±۰/۶۰	ZYW
*	۹/۱۹±۰/۶۷	۸/۸۳±۰/۸۳	۸/۰۷±۰/۵۴	۸/۴۳±۰/۵۶	LaP
***	۷/۲۵±۱/۰۶	۶/۷۷±۰/۳۸	۸/۱۷±۰/۲۶	۷/۷۶±۰/۳۱	CC
***	۱۰/۶۲±۰/۱۸	۱۰/۴۱±۰/۳۱	۱۱/۹۹±۰/۵۹	۱۱/۵۸±۰/۴۱	M2M2
***	۱۲/۰۸±۰/۴۸	۱۱/۳۵±۰/۵۸	۱۳/۶۴±۰/۳۶	۱۳/۱۸±۰/۲۳	CM2
***	۳/۹۶±۰/۳۷	۳/۴۸±۰/۱۷	۴/۸۹±۰/۲۹	۴/۴۳±۰/۲۵	HMD
***	۲۸/۸۸±۰/۳۱	۲۸/۴۵±۰/۳۳	۳۲/۱۹±۰/۵۹	۳۰/۹۹±۰/۴۸	LMD
***	۱۶/۰۷±۰/۵۵	۱۵/۲۷±۰/۹۲	۱۸/۳۴±۰/۲۲	۱۷/۵۸±۰/۶۵	Li1m3
***	۱۱/۷۴±۰/۱۴	۱۱/۵۴±۰/۳۱	۱۴/۹۶±۰/۷۴	۱۴/۲۸±۰/۵۰	ACo
***	۱۵/۱۹±۰/۷۸	۱۴/۳۰±۰/۹۳	۱۷/۴۸±۰/۴۵	۱۶/۴۶±۰/۴۷	CM3

*** $P < 0.001$; ** $P < 0.01$; * $P < 0.05$

جدول ۵: جدول MANOVA براساس چهار مولفه اصلی (PCs (PC2-PC5) از نسبت های لگاریتم شکل بررسی تاثیر گونه، جنسیت و اندازه بر روی

شکل گونه خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*)

p-value	den. df	num. df	approx. F	Pillai	df	Factor
***	۱۴	۴	۱۴۳۶۳/۲	۰/۹۹	۱	size
***	۱۴	۴	۵۴/۷	۰/۹۴	۱	sex
***	۱۴	۴	۸۴/۳	۰/۹۶	۱	species
***	۱۴	۴	۱۴/۱	۰/۸۰	۱	size: sex
***	۱۴	۴	۲۶/۵	۰/۸۸	۱	size: species
**	۱۴	۴	۶/۶	۰/۶۵	۱	sex: species
۰/۱۰	۱۴	۴	۲/۴	۰/۴۰	۱	size: sex: species
					۱۷	Residuals

*** $P < 0.001$, ** $P < 0.01$

جدول ۶: مقایسه فاصله ژنتیکی برای داده های ژن CYT b درون زیر کلادها و بین خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه خوار

لشنالتی (*R. leschenaultii*) که در برنامه MEGA با کاربرد روش های K2P و p-distance اجرا شدند. مقادیر تیره فاصله درون گروهی را نشان

می دهند اعداد پایین و بالای اعداد تیره K2P و p-distance را به ترتیب نشان می دهند.

R. les	A۵	A۴	A۳	A۲	A۱	Taxa/group
						<i>R. aegyptiacus</i>
۶/۶	۴/۰	۴/۰	۳/۲	۲/۱	۰/۳	A۱
۶/۶	۳/۶	۳/۶	۲/۷	۰/۸	۲/۲	A۲
۶/۴	۴/۹	۴/۸	۱/۲	۲/۸	۳/۳	A۳
۸/۰	۲/۰	۰/۲	۵/۰	۳/۸	۴/۱	A۴
۷/۶	۰/۴	۲/۱	۵/۱	۳/۷	۴/۱	A۵
۰/۷	۸/۲	۸/۶	۶/۸	۷/۱	۷/۰	<i>R. leschenaultii</i>

تحلیل های مولکولی

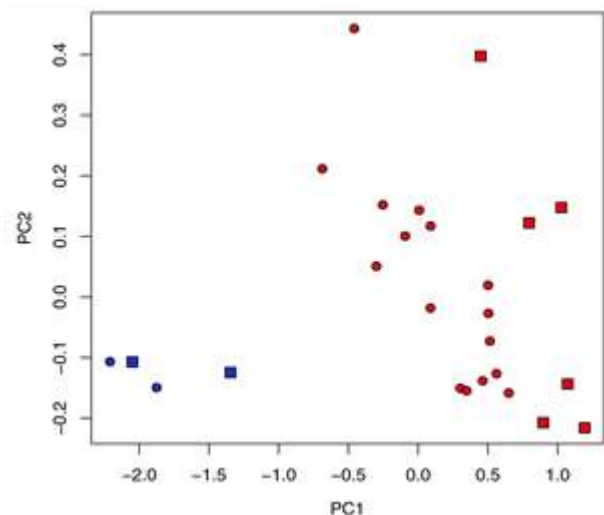
تحلیل های تبارزادی: در مجموع ۱۰۰۱ جفت باز (bp) از ژن

سیتوکروم بی (Cytb) میتوکندری براساس ۸۴ توالی از جنس *Rousettus* (۴۲ تا از *R. aegyptiacus* و ۴۲ تا از *R. leschenaultii*) مطالعه شد.

تغییرات نوکلئوتیدی های این ژن بیانگر ۱۵۹ جایگاه پلی مورفیک شامل ۴۶ جایگاه متغیر تکی (Singleton) و ۱۱۳ جایگاه پاراسیمونی بودند.

درخت های بیزین و بیشینه احتمال مطابق داده های ژن سیتوکروم بی (Cyt b) توپولوژی مشابهی را نشان دادند که براساس آن ها هفت کلاد با مقادیر تاییدی بالا (۹۹ MLBS، ۱/۰۰ PP) در ارتباط با هفت گونه از جنس *Rousettus* به دست آمد (شکل ۴). کلاد A: مربوط به *R. aegyptiacus* (از گینه، سنگال، غنا، گابن، کنگو، مالاوی، کنیا، مصر، لبنان، اردن، یمن، قبرس، ترکیه، ایران و عمان)؛ کلاد B: حاوی

R. madagascariensis (از ماداگاسکار)؛ کلاد C: مربوط به گونه *R. obliviosus* (از کومور)؛ کلاد D: شامل اعضای *R. leschenaultii* (از چین، پاکستان، هند و ایران)؛ کلاد E: شامل نمونه های *R. amplexicaudatus* (از فیلیپین)؛ کلاد F: در ارتباط با نمونه های *Rousettus* sp. (از ویتنام) و کلاد G: نمونه های *R. spinalatus* (از مالزی) را شامل می شود. مقادیر تاییدی بالا روابط تبارزادی میان این ۷ کلاد اصلی را تایید



شکل ۳: تحلیل مولفه های اصلی بر روی نسبت های شکل لگاریتم از

۲۸ صفات متغیر خارجی و حجمه ای دندان های نمونه های ماده

(دایره ای) و نرها (مربع) بین گونه خفاش میوه خوار مصری

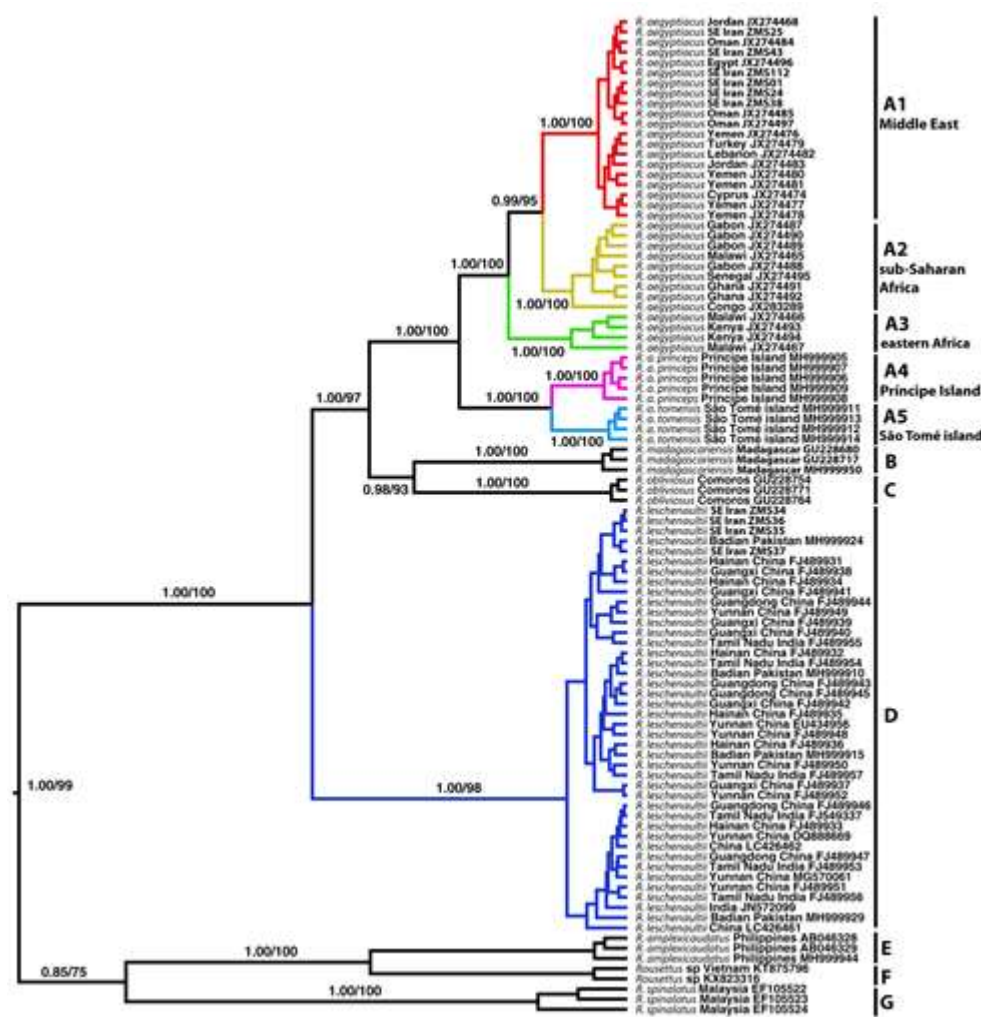
(*R. aegyptiacus*) و لشنالتی (*R. leschenaultii*). رنگ نمادها با گونه ها

مطابقت دارند (قرمز خفاش میوه خوار مصری *R. aegyptiacus*، آبی

تیره خفاش میوه خوار لشنالتی *R. leschenaultii*).

وزیر کلااد A۵: (PP ۱/۰۰, MLBS ۱۰۰) *R. a. tomensis* جزایر سوتام. جمعیت‌های جزیره‌ای خلیج گینه با سایر زیر کلادهای خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) با حمایت قوی گروه‌خواهری تشکیل می‌دهد (PP ۱/۰۰, MLBS ۱۰۰). در مقابل خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) کلااد D محتوی ۴۲ نمونه توالی از چین، پاکستان، هند و ایران با حمایت بالا (PP ۱/۰۰, MLBS ۹۸) هیچ تفاوتی در میان همه جمعیت‌های جنوب‌شرق آسیا نشان نمی‌دهد.

کردند (PP ≥ ۰/۸۵, MLBS ≥ ۷۵%). داده‌های مولکولی بیانگر تغییرات ژنتیکی میان جمعیت‌های خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) در کلااد A می‌باشد که موجب تقسیم این کلااد به پنج زیر کلااد با تفاوت مناطق آرایه می‌شود: زیر کلااد A۱: خاورمیانه (PP ۱/۰۰, MLBS ۱۰۰)، از مصر، لبنان، اردن، یمن، قبرس، ترکیه، ایران و عمان؛ زیر کلااد A۲: (PP ۱/۰۰, MLBS ۱۰۰) از سنگال، غنا، گابن، کنگو و مالاوی؛ زیر کلااد A۳ (PP ۱/۰۰, MLBS ۱۰۰) از کنیا و مالاوی؛ زیر کلااد A۴: (PP ۱/۰۰, MLBS ۱۰۰) *R. a. princeps* از جزایر پرینسیپ



شکل ۴: تبارزادی جنس *Rousettus* به وسیله تحلیل بیزین از ژن سیتوکروم بی Cyt b میتوکندری (۱۰۰۱ جفت باز). پنج دودمان اصلی خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) با رنگ‌های متفاوتی نشان داده شده‌اند (قرمز: زیر کلااد A۱؛ زیتونی: زیر کلااد A۲؛ سبز: زیر کلااد A۳؛ ارغوانی: زیر کلااد A۴؛ آبی آسمانی: زیر کلااد A۵) و خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) با آبی تیره برجسته شده است. شماره‌ها در گره‌های معرفی کننده احتمال پسین (PP) و مقادیر بوت استرپ (MLBS) برای روش‌های بیزین (سمت چپ) و بیشینه احتمال (سمت راست) به ترتیب هستند.

بحث

در چک لیست‌های قبلی خفاش‌های ایران که براساس یک سری صفات ریخت‌سنجی صورت گرفته است خفاش‌های میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) به عنوان خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) گزارش شده است (۱۰، ۳۷). Trouessart (۴۷) گونه خفاش *R. amplexicaudatus* را از ایران (به عنوان *Cynopterus amplexicaudatus*) گزارش نمود در حالی که Andersen (۳۸) بعداً آن را به نام خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) تغییر داد. به هر حال شناسایی اشتباه خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) و گروه‌بندی آن تحت عنوان گونه خفاش *R. amplexicaudatus* احتمالاً به این علت است که این دو گونه از لحاظ ریخت‌شناسی خیلی شبیه هم هستند و فقط تفاوت‌شان در طول ساعد (۹۶-۷۵ میلی‌متر در خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) و ۹۱-۶۶ میلی‌متر در *R. amplexicaudatus*) و شکل دندان آسیای سوم آرواره بالا می‌باشد (۲۶). به علاوه، پراکندگی *R. amplexicaudatus* بیش‌تر به سمت شرق است (۲۶، ۴۰). براساس مطالعات قبلی، خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) موجود در غار تیس چابهار به عنوان خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) گزارش شدند (۳۱، ۳۷). خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) عمدتاً گونه آفریقایی (Afro-tropical element) می‌باشد (۲۰) در حالی که خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) یک گونه شرقی (Oriental) است این دو گونه در کراچی، پاکستان به صورت هم‌جوار (Parapatric) گزارش شده‌اند (۲۰). خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) در سرتاسر مناطق جنوب ایران پراکنده است (۱۳) و هیچ گزارشی از حضور خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در ایران به استثنای Andersen (۳۸) وجود ندارد. چون هیچ گزارش قابل اعتباری از حضور گونه خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در کشور وجود نداشت بنابراین در مطالعه ما حضور گونه خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) اولین گزارش رسمی به زیای (Fauna) خفاش‌های کشور می‌باشد که اکنون ۵۲ گونه را شامل می‌شوند (۴۲). حضور خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در سیستان و بلوچستان، ایران احتمالاً به دلیل گسترش اخیر باغات و مزارع در این ناحیه می‌باشد. در سال‌های اخیر، کشت میوه‌های گرمسیری همانند موز، Mango، عنب، Guava و پاپایا که قسمتی از رژیم غذایی خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) را شامل می‌شود (۴۳) در منطقه چابهار و توسعه این نوع از باغات قاعدتاً زیستگاه‌های مناسبی برای خفاش‌های میوه‌خوار همانند خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در منطقه را آماده کرده است. Asan, Albayrak و Yorulmaz، براساس تحلیل‌های

ریخت‌سنجی گزارش نمودند که اندازه‌های میانگین طول سر و بدن $152/5 \pm 8/8$ میلی‌متر برای نمونه نرها و $143/3 \pm 11/82$ میلی‌متر برای نمونه ماده‌های خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) در ترکیه می‌باشد که به مقدار قابل توجهی از نمونه‌های ایران بزرگ‌تر می‌باشد (برای نرها $139/33 \pm 8/66$ میلی‌متر و برای ماده‌ها $130/38 \pm 10/63$ میلی‌متر). برطبق گزارشات Bergmans جمعیت‌های شرقی خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) از ایران، پاکستان، زیرگونه *arabicus* عمدتاً از لحاظ اندازه در مقایسه با جمعیت‌های غربی کوچک‌تر هستند (۲۰). Benda و همکاران، جمجمه و ساعد خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) را در کل محدوده گسترش آن بررسی نمودند و گزارش نمودند که نمونه‌های ایران کوچک‌ترین اندازه را دارند. تمایز ژنتیکی پایین درون جمعیت‌های خاورمیانه‌ای گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و الگوی موزاییک تفاوت اندازه جغرافیایی (۸، ۴۶) روشن می‌سازد که تنوع ریخت‌سنجی توصیف شده درون زیرگونه‌های سنتی به عنوان مثال *R. a. arabicus* و *R. a. aegyptiacus* در خاورمیانه به وسیله فشارهای گزینشی محلی و انتخاب طبیعی تحمیل شده است و به خاطر دودمان‌های تبارزادی جداگانه نیست (۱). میانگین اندازه طول سر و بدن نمونه‌های خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) پاکستان (۱۷) و هند به ترتیب $99/55 \pm 15/0/35$ میلی‌متر و $124/6 \pm 10/9$ میلی‌متر بودند که خیلی کوچک‌تر از نمونه‌های خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) موجود در غار تیس، چابهار می‌باشند ($129/0 \pm 5/66$ میلی‌متر برای نرها و $121/0 \pm 2/83$ میلی‌متر برای ماده‌ها). دو گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) و خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) دو آرایه خیلی نزدیک به هم هستند و از لحاظ تبارزادی هر دو این گونه‌ها در گروه خفاش‌های Yinpterochiroptera قرار می‌گیرند (۴۴، ۴۵). Benda و همکاران، دو نشانگر میتوکندری خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) را در کل محدوده گسترش آن تحلیل نمودند و به علت حضور هاپلو تایپ‌های یکسان در سرتاسر محدوده گسترش آن هیچ ساختار تبارزادی براساس ایستگاه نیافتند (۲). ما توالی‌های سیتوکروم بی (Cyt b) Benda و همکاران (۸) و Stripna و همکاران (۱۴) را با تحلیل‌های تبارزادی پیشرفته جمع نمودیم و در تضاد با نتایج Benda و همکاران (۸) ما پنج دودمان (A1 تا A5) را در محدوده گسترش گونه خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) شناسایی نمودیم که بر مبنای توزیع جغرافیایی هستند. این نتایج خیلی زیاد با نتایج مولکولی براساس دو نشانگر میتوکندری (cyt b & control region) و داده‌های ماکروستایتهای به دست آمده Stripna و همکاران مطابقت دارند اگرچه روابط میان کلادهای اصلی در تحلیل‌های آن‌ها با مقادیر تایید بالا نیست (PPs) Hassnain (۴۸) (۰/۴۹-۰/۸۸) و همکاران، بیان نمودند که واگرایی

منابع

1. Benda, P., Abi-Said, M., Bartonička, T., Bilgin, R., Faizolah, K., Lučan, R. K., Nicolaou, H., Reiter, A., Shohdi, W. M., Uhrin, M. and Horáček, I., 2011. *Rousettus aegyptiacus* (Pteropodidae) in the Palaearctic: List of records and revision of the distribution range. *Vespertilio*. 15: 3-36.
2. Benda, P., Vallo, P., Hulva, P. and Horáček, I., 2012. The Egyptian fruit bat *Rousettus aegyptiacus* (Chiroptera: Pteropodidae) in the Palaearctic: Geographical variation and taxonomic status. *Biologia*. 67: 1230-1244.
3. Shahabi, S., Akmali, V. and Sharifi, M., 2017. Taxonomic Evaluation of the Greater Horseshoe Bat *Rhinolophus ferrumequinum* (Chiroptera: Rhinolophidae) in Iran Inferred from the Mitochondrial D-Loop Gene. *Zoological Science*. 34: 361-367.
4. Shahabi, S., Akmali, V. and Sharif, M., 2017b. Distribution and new records of cave dwelling bats from Fars province in south west of Iran. *Species*. 18(59): 92-116.
5. Shahabi, S., Akmali, V. and Sharif, M., 2018. Potential Geographic Distribution of the Greater Horseshoe Bat, *Rhinolophus ferrumequinum* (Chiroptera: Rhinolophidae) in Iran. *Journal of Wildlife and Biodiversity*. 3(2): 40-51.
6. Shahabi, S., Akmali, V. and Sharif, M., 2019. Echolocation call frequency and mitochondrial control region variation in the closely related bat species of the genus *Rhinolophus* (Chiroptera: Rhinolophidae) occurring in Iran: implications for taxonomy and intraspecific phylogeny. *Mammal Research*. 64(4): 485-501.
7. Akmali, V., 2017. Phylogeny of the mouse-tailed bats genus *Rhinopoma* (Family: Rhinopomatidae) in Iran based on mitochondrial D-loop gene. *Journal of Animal Environment*. 9(3): 65-72. (In Persian)
8. Benda, P., Faizolah, K., Andreas, M., Obuch, J., Reiter, A., Sevcik, M., Uhrin, M., Vallo, P. and Ashrafi, S., 2012. Bats (Mammalia: Chiroptera) of the Eastern Mediterranean and Middle East, Part 10, Bat fauna of Iran. *Acta Societatis Zoologicae Bohemoslovacae*. 76: 163-582.
9. DeBlase, A.F., 1980. The bats of Iran: systematics, distribution, ecology. *Fieldiana Zoology*. 4: 1-424.
10. Etemad, E., 1978. The Mammals of Iran. Volume 1. Rodents and Key to Their Classification. National Society for Protection of Natural Resources and Human Environment. Teheran. 288 p.
11. Karami, M., Hutterer, R., Benda, P., Siaharsvie, R. and Kryštufek, B., 2008. Annotated check-list of the mammals of Iran. *Lynx*. 39: 63-102.
12. Mohammadi, Z., Tabarraei, A., Ghorbani, F., Khajeh, A., GholiKam, H., Shahabi, S. and Urban, Olsson U.,

تبارزادی زیادی میان جمعیت‌های خاورمیانه و آفریقایی خفاش میوه خوار مصری (*R. aegyptiacus*) وجود دارد (۴۸) که مطالعات ما هم آن را تایید می‌نماید. در حقیقت، زیرکلا ۱A از خاورمیانه به‌عنوان خواهر زیرکلا ۲A از آفریقای زیر صحرایی قرار گرفته است. زیرکلا ۳A از شرق آفریقا در موقعیت پایه قرار گرفته‌اند. کلا ۵A (*R. tomensis*) و ۴A (*R. a. princeps*) از جزایر خلیج گینه یک وابستگی خواهری دارند و از سایر زاده‌های خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) با مقادیر تایید بالا منشعب شده‌اند (۱۰۰MLBS، ۱/۰۰PP). هیچ ساختار ژنتیکی میان جمعیت‌های خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) وجود ندارد. به‌هر حال، هنوز شکاف‌هایی برای نمونه‌برداری در سرتاسر محدوده آن به‌ویژه راجع به جمعیت‌های جزیره‌ای وجود دارد. خفاش میوه‌خوار مصری (*R. aegyptiacus*) به‌عنوان یک گونه در معرض خطر انقراض در لیست قرمز IUCN معرفی شده است. بنابراین ردیابی جمعیت‌های محیطی این گونه می‌تواند به‌عنوان هدف ابقا ملاحظه شود. وضعیت خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در لیست قرمز IUCN به‌عنوان گونه کم‌تر در معرض خطر آورده شده است اما گزارش جمعیت خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در غار تیس، چابهار ممکن است محدود به این ایستگاه و تعدادی زیستگاه‌های مناسب در مناطق مجاور باشد. به‌علاوه، خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) خیلی حساس به ترک محل زندگی خود با دخالت انسان است و به راحتی آشیانه خود را ترک می‌کند بنابراین، ما حدس می‌زنیم که جمعیت خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) در چابهار نیاز به ردیابی برای برنامه‌های حفاظتی دارد. احتمالاً غار تیس در چابهار غربی‌ترین محدوده پراکنش خفاش میوه‌خوار لشنالتی (*R. leschenaultii*) باشد و این جمعیت‌های محیطی ممکن است در معرض خطر کاهش جریان ژنی قرار گیرند (۱۳). بدین لحاظ، با توجه به نقش اکولوژیکی خفاش‌های میوه‌خوار در گسترش جوامع و چرخه غذایی و همچنین اهمیت اقتصادی خفاش‌های میوه‌خوار به‌عنوان گرده‌افشان (۱۳) استراتژی حفاظت در منطقه باید گسترش یابد.

تشکر و قدردانی

تشکر ویژه‌ای از جناب دکتر زین‌العابدین محمدی و سرکار خانم دکتر فاطمه قربانی به‌خاطر کمک شایان علمی و جناب مهندس شکیبا و حسین بر به‌خاطر کمک در مراحل آزمایشگاهی.

24. **Miller, M.A., Pfeiffer, W. and Schwartz, T., 2010.** "Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees" in Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE), New Orleans, LA. 1-8.
25. **Bouckaert, R., Heled, J., Kühnert, D., Vaughan, T., Wu, C.H., Xie, D., Suchard, M.A., Rambaut, A. and Drummond, A.J., 2014.** BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. PLOS Computational Biology. 10: e1003537.
26. **Mosimann, J.E., 1970.** Size allometry: size and shape variables with characterizations of the lognormal and generalized gamma distributions. Journal of the American Statistical Association. 65: 930-948.
27. **R Core Team., 2018.** R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. Retrieved from <https://www.R-project.org>.
28. **Bruford, M.W., Hanotte, O., Brokfield, J.F.Y. and Burke, T., 1992.** Single-locus and multilocus DNA fingerprinting. In: A. R. Hoelzel (ed), Molecular genetic analysis of populations: A practical approach. New York: Oxford University Press. 225-269.
29. **Montgelard, C., Bentz, S., Tirard, C., Verneau, O. and Catzeflis, F.M., 2002.** Molecular systematic of Sciurognathi (Rodentia): the mitochondrial cytochrome b and 12S rRNA genes support the Anomaluroidea (Peptidae and Anomaluridae). Molecular Phylogenetics and Evolution. 22: 220-233.
30. **Thompson, J.D., Higgins, D.G. and Gibson, T.J., 1994.** Clustal-W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Research. 22: 4673-4680.
31. **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.
32. **Schwarz, G., 1978.** Estimating the dimension of a model. Annals of Statistics. 6: 461-464.
33. **Akaike, H., 1974.** A new look at the statistical model identification. IEEE Transactions on Automatic Control. 19: 716-723.
34. **Rambaut, A., 2016.** FigTree. Version 1.4.3. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>.
35. **Stamatakis, A., 2014.** RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. Bioinformatics. 30: 1312-1313.
36. **Kimura, M., 1980.** A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Molecular Evolution. 15: 111-120.
13. **Khajeh, A., Mohammadi, Z., Ghorbani F. and Jahantigh H., 2020.** Molecular and morphometric characterization of fruit bats of the genus *Rousettus* Gray, 1821 (Chiroptera: Pteropodidae) in Iran. Zoology in Middle East. 67(1): 1-11.
14. **Stribna, T., Romportl, D., Demjanovič, J., Vogeler, A., Tschapka, M., Benda, P., Horáček, I., Juste, J., Goodman, S.M. and Hulva, P., 2019.** Pan African phylogeography and palaeodistribution of rousettine fruit bats: Ecogeographic correlation with Pleistocene climate vegetation cycles. Journal of Biogeography. 00: 1-14.
15. **Albayrak, İ., Aşan, N. and Yorulmaz, T., 2008.** The natural history of the Egyptian fruit bat, *Rousettus aegyptiacus*, in Turkey (Mammalia: Chiroptera). Turkish Journal of Zoology. 32: 11-18.
16. **Kwieceński, G.G. and Griffiths, T.A., 1999.** *Rousettus aegyptiacus*. Mammalian Species. 611: 1-9.
17. **Simmons, N.B., 2005.** Order Chiroptera. In: Wilson, D.E. and Reeder, D.M., (Eds), Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference, Third edition. Baltimore: The Johns Hopkins University Press. 312-529.
18. **Brosset, A., 1962.** The Bats of Central and Western India Part I. Journal of the Bombay Natural History Society. 59: 1-57.
19. **Hua, P.Y., Chen, J.P., Sun, M., Liang, B., Zhang, S.Y. and Wu, D.H., 2006.** Characterization of microsatellite loci in fulvous fruit bat *Rousettus leschenaulti*. Molecular Ecology Notes. 6: 939-941.
20. **Bergmans, W., 1994.** Taxonomy and biogeography of African fruit bats (Mammalia, Megachiroptera) 4. The genus *Rousettus* Gray, 1821. Beaufortia. 44: 79-126.
21. **Srinivasulu, C., Racey, P.A. and Mistry, S., 2010.** A key to the bats (Mammalia: Chiroptera) of South Asia. Journal of Threatened Taxa. 2: 1001-1076.
22. **Hassanin, A., Nesi, N., Marin, J., Kadjo, B., Pourrut, X., Leroy, É., Gembu, G.C., Akawa, P.M., Ngoagouni, C., Nakoune, E., Ruedi, M., Tshikung, D., Shongo, C.P. and Bonillo, C., 2016.** Comparative phylogeography of African fruit bats (Chiroptera, Pteropodidae) provide new insights into the outbreak of Ebola virus disease in West Africa, 2014-2016. Comptes Rendus Biologies. 339: 517-528.
23. **Shahbaz, M., Javid, A., Javed, T., Mahmood-ul Hassan, M. and Hussain, S.M., 2014.** Morphometrics of fulvous fruit bat (*Rousettus leschenaulti*) from lahore, pakistan. Journal of Animal & Plant Sciences. 24: 955-960.
2022. Recently Discovered Iranian Population of *Rousettus leschenaulti* (Chiroptera; Pteropodidae), Highlighting the Essential Need for Taxonomic Expertise in Applied Medical Sciences. J Health Sci Surveillance Sys January. 10(1): 62-70.

- phylogeography of African fruit bats (Chiroptera, Pteropodidae) provide new insights into the outbreak of Ebola virus disease in West Africa, 2014-2016. *Comptes Rendus Biologies*. 339: 517-528.
49. **Claude, J., 2013.** Log-shape ratios, procrustes superimposition, elliptic fourier analysis: three worked examples in *R. Hystrix*. 24: 94-02.
 37. **Goodman, M.S., Chan, L.M., Nowak, M.D. and Yoder, A.D., 2010.** Phylogeny and biogeography of western Indian Ocean *Rousettus* (Chiroptera: Pteropodidae). *Journal of Mammalogy*. 91: 593-606.
 38. **Andersen, K., 1912.** Catalogue of the Chiroptera in the collection of the British Museum, 1. Megachiroptera, 2nd edition. London: British Museum (Natural History).
 39. **Claude, J., 2013.** Log-shape ratios, procrustes superimposition, elliptic fourier analysis: three worked examples in *R. Hystrix*. 24: 94-102.
 40. **Rookmaaker, L.C. and Bergmans, W., 1981.** Taxonomy and geography of *Rousettus amplexicaudatus* (Geoffroy, 1810) with comparative notes on sympatric congeners (Mammalia, Megachiroptera). *Beaufortia*. 31: 1-29.
 41. **Juste, J. and Ibanez, C., 1993.** An asymmetric dental formula in a mammal, the Sao Tome Island fruit bat *Myonycteris brachycephala* (Mammalia: Megachiroptera). *Canadian Journal of Zoology*. 71: 221-224.
 42. **Naderi, S., Dietz, Ch., Mirzajani, A. and Mayer, F., 2017.** First record of Nathusius' Pipistrelle, *Pipistrellus nathusii* (Mammalia: Chiroptera), from Iran. *Zoology in the Middle East*. 63: 93-94.
 43. **Win, S.S. and Mya, K.M., 2015.** The diet of the Indian Flying Fox *Pteropus giganteus* (Brünnich, 1782) (Chiroptera: Pteropodidae) in Myanmar-conflicts with local people? *Journal of Threatened Taxa*. 7: 7568-7572.
 44. **Szcześniak, M., Yoneda, M., Sato, H., Makalowska, I., Kyuwa, S., Sugano, S., Suzuki, Y., Makalowski, W. and Kai, C., 2013.** Characterization of the mitochondrial genome of *Rousettus leschenaultii*. *Mitochondrial DNA*. 25: 443-444.
 45. **Teeling, E.C., Springer, M.S., Madsen, O., Bates, P., O'brien, S.J. and Murphy, W.J., 2005.** A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science*. 307: 580-584.
 46. **Yaghoubirostami, M., Kami, H.G., Bagherian Yazdi, A.A. and Okhli, N., 2010.** First record of Mediterranean horseshoe bat (*Phinolopus euryale*) in Mazandaran Province. *Journal of Animal Environment*. 12(2): 11-20. (In Persian)
 47. **Trouessart, E.L., 1879.** Catalogue des mammifères vivants et fossiles. Ordo III. Chiroptera. *Revue et Magasin de Zoologie Pure et Appliquée*. 3e Série. 6: 201-254.
 48. **Hassanin, A., Nesi, N., Marin, J., Kadjo, B., Pourrut, X., Leroy, É., Gembu, G.C., Akawa, P., M., Ngoagouni, C., Nakoune, E., Ruedi, M., Tshikung, D., Shongo, C.P. and Bonillo, C., 2016.** Comparative