آنالیزهای فیلوژنی: اصول و عملیات

(چاپ دوم)

نگارندگان

دکتر شاهرخ کاظم‌پور اوصالو

(استاد سیستماتیک مولکولی گیاهی)

دکتر فریده محرک

۱۳۹۸

سرشناسه: کاظم‌پور اوصالو، شاهرخ
عنوان و نام پدیدآور: آنالیزهای فیلوژنی: اصول و عملیات/ نگارندگان شاهرخ کاظم‌پوراوصالو، فریده محرک.
مشخصات نشر: تهران: دانشگاه تربیت مدرس، مرکز نشر آثار علمی، ۱۳۹٤.
مشخصات ظاهری: ۳۸۷ ص.: مصور، جدول، نمودار.
فروست: دانشگاه تربیت مدرس، مرکز نشر آثار علمی؛ ۱۸۷/۲۹.
شابک: ۹۷۸٦۰۰۷۵۸۹۱۱۳
وضعیت فهرست نویسی: فیپا
یادداشت: واژه‌نامه.
یادداشت: کتابنامه.
یادداشت: نمایه.
موضوع: تکامل انواع
موضوع: تکامل (زیست‌شناسی)
شناسه افزوده: محرک، فریده، ۱۳٦٦ -
شناسه افزوده: دانشگاه تربیت مدرس. مرکز نشر آثار علمی
رده‌بندی کنگره: ۱۳۹٤ ۸آ۲ک/QL٤۳۸/٥
رده‌بندی دیویی: ٥۹۱/۳۸
شماره کتابشناسی ملی: ۳۹٥۸۷٤۹

آنالیزهای فیلوژنی: اصول و عملیات
نگارندگان: دکتر شاهرخ کاظم‌پور اوصالو، دکتر فریده محرک
ویراستار ادبی و فنی: دکتر فریبا شکوهی
طراح جلد: ترنج
صفحه‌آرا: سمیه زهانی
ناشر:انتشارات دانشگاه تربیت مدرس
شماره انتشار: ۱۸۷
شماره پیاپی: ۳٦۸
تاریخ انتشار: ۱۳۹۸
شمارگان: ٥۰۰
شابک: ۳-۱۱-۷٥۸۹-٦۰۰-۹۷۸ **شابک الکترونیکی:** ٥-۰۸-۸۳۳۹-٦۲۲-۹۷۸
نوبت چاپ: دوم
کارشناس اجرایی: فریبا کرمانی
ناظر چاپ: مصطفی جانجانی
لیتوگرافی: ایران گرافیک
چاپ و صحافی: شمس
مرکز پخش: تقاطع بزرگراه‌های آل‌احمد و دکتر چمران،
انتشارات دانشگاه تربیت مدرس، صندوق پستی: ۳۱۸-۱٤۱۱٥
دورنگار: ۸۲۸۸۳۰۳۲ تلفن: ۸۲۸۸۳۰۹٦
آدرس اینترنتی فروش: pub.modares.ac.ir

صحت مطالب کتاب بر عهدهٔ نگارندگان است.

تمام حقوق این اثر برای مرکز نشر آثار علمی دانشگاه تربیت مدرس محفوظ است و تکثیر کتاب به هر روشی بدون اجازه کتبی ناشر موجب پیگرد قانونی می‌شود.

تقدیم به:

دانشجویان و محققان زیست شناسی که به فیلوژنی و تکامل موجودات زنده علاقه مند می باشند.

فهرست مطالب

پیشگفتار نگارندگان ..... ز

فصل ۱- مقدمه‌ای بر فیلوژنی ۱

۱-۱ سیستماتیک فیلوژنی (کلادیستیک) ۱

۱-۲ فنتیک در مقابل کلادیستیک ۲

۱-۳ داده‌های مورد استفاده در فیلوژنی ۳

۱-٤ معیارهای انتخاب تاکسون و صفت ۳

۱-٤-۱ انتخاب تاکسون ٤

۱-٤-۲ تعریف و انتخاب صفات ٤

۱-۵ فیلوژنی مولکولی ۵

۱-٦ انواع داده‌های مولکولی ۸

۱-٦-۱ داده‌های صفاتی ۹

۱-٦-۲ داده‌های فاصله‌ای ۹

۱-۷ روش‌های تفسیر درختان فیلوژنی ۱۰

فصل ۲- بلست و هم‌ردیف‌سازی توالی‌ها ۱۳

۲-۱ مقدمه ۱۳

۲-۲ پایگاه‌های اطلاعاتی ۱٤

۲-۳ جستجوی بلست (BLAST) ۱٤

۲-٤ هم‌ردیف‌سازی توالی‌ها ۲۱

۲-٤-۱ روش‌های شباهت و فاصله ۲۳
۲-٤-۲ هم‌ردیف‌سازی‌های چندگانه ۲۷
۲-٤-۳ هم‌ردیف‌سازی چندگانه با برنامهٔ CLUSTALX ۲۸
۲-۵ تبدیل فرمت nexus تکه‌تکه به فرمت nexus معمولی ۳۷
فصل ۳- درختان فیلوژنی ٤۵
۳-۱ مقدمه‌ای بر درخت فیلوژنی و واژه‌شناسی آن ٤۵
۳-۱-۱ واژگان مربوط به درختان فیلوژنی ٤۵
۳-۲ انواع درختان فیلوژنی ۵۳
۳-۲-۱ کلادوگرام، فیلوگرام و درخت اولترامتریک ۵۳
۳-۲-۲ درختان ریشه‌دار و بدون ریشه ۵٤
۳-۲-۲-۱ ریشه‌دار کردن درخت ۵۵
۳-۳ مختصرنویسی درختان فیلوژنی ۵۷
۳-٤ درخت ژنی و درخت گونه‌ای ۵۸
۳-۵ شبکه‌ها ٦۲
۳-۵-۱ شبکهٔ فیلوژنی بدون ریشه ٦۵
۳-۵-۱-۱ شبکه‌های دوبخشی ٦۵
۳-۵-۱-۱-۱ شبکه‌های دوبخشی حاصل از ماتریس فاصله ٦۸
۳-۵-۱-۱-۲ شبکه‌های دوبخشی ناشی از ادغام درختان فیلوژنی ٦۹
۳-۵-۱-۱-۳ شبکه‌های دوبخشی حاصل از توالی‌ها ۷۰
۳-۵-۲ شبکهٔ فیلوژنی ریشه‌دار ۷۳
۳-۵-۲-۱ شبکه‌های دورگه‌سازی ۷۳
۳-۵-۲-۲ شبکه‌های نوترکیبی ۷۳
۳-۵-۲-۳ شبکه‌های DLT (مضاعف‌شدگی- کاهش- انتقال) ۷٤
فصل ٤- مدل‌های جایگزینی نوکلئوتیدی ۷۵
٤-۱ مقدمه ۷۵

٤-٢ مدل‌های مارکوف تکاملی ٧٥
٤-٢-١ مدل یک متغیری جاکز کانتور (JC69) ٧٧
٤-٢-٢ مدل دو متغیری کیمورا (K_2P) ٨٠
٤-٢-٣ مدل فلزنشتاین (F81) ٨٣
٤-٢-٤ مدل هاسه‌گاوا کیشینو و یانو (HKY85) ٨٤
٤-٢-٥ مدل‌های تامورا و نئی(TN93) ٨٥
٤-٢-٦ مدلGTR ٨٥
٤-٢-٧ مدلSYM ٨٦
٤-٢-٨ نرخ جایگزینی متغیر در میان جایگاه‌ها ٨٨
٤-٣ انتخاب بهترین مدل تکاملی ٨٩
٤-٣-١ آزمون نسبت درست‌نمایی سلسه مراتبی(hLRT) ٩٠
٤-٣-٢ معیار اطلاعاتی آکایکه (AIC) ٩٣
٤-٤ برنامه MrModelTest ٩٣
فصل ٥- روش بیشینهٔ صرفه‌جویی ٩٩
٥-١ مقدمه ٩٩
٥-٢ آنالیز بیشینهٔ صرفه‌جویی ١٠٠
٥-٣ روش‌های ساختن درخت ١٠٤
٥-٤ روش‌های جستجوی درخت بهینه ١٠٨
٥-٤-١ جستجوهای دقیق ١٠٩
٥-٤-٢ جستجوهای ابتکاری ١١٢
٥-٥ بهینگی کلی در مقابل بهینگی موضعی ١١٧
٥-٦ معیارهای بهینگی ١١٨
٥-٦-١ بهینگی صفات غیرترتیبی و ترتیبی ١١٨
٥-٦-١-١ بهینگی صفات غیرترتیبی (فیچ) ١١٨
٥-٦-١-٢ بهینگی صفات‌ترتیبی (واگنر) ١٢١
٥-٦-٢ بهینگی دولو ١٢٢

۵-۶-۳ بهینه‌سازی صفات روی کلادوگرام ۱۲۳
۵-۷ درخت اجماعی ۱۲۴
۵-۸ تعیین حدود اطمینان کلادها ۱۲۶
۵-۸-۱ آنالیز بوتسترپ ۱۲۶
۵-۸-۲ روش جک‌نایف ۱۲۶
۵-۸-۳ شاخص زوال یا برمر ۱۲۷
۵-۸-۴ آمار توصیفی کلادوگرام‌ها ۱۲۹
۵-۹ بیشینهٔ صرفه‌جویی هم‌سنگ (غیرارزشی) و ناهم‌سنگ (ارزشی) ۱۳۷
۵-۱۰ جاذبهٔ شاخه‌های بلند (LBA) ۱۳۸
۵-۱۱ آزمون ترکیب‌پذیری دو مجموعه اطلاعات (ILD test) ۱۴۰
۵-۱۲ آنالیز فیلوژنی با برنامه *PAUP ۱۴۵
۵-۱۳ آزمون ترکیب‌پذیری با استفاده از *PAUP ۱۶۲
فصل ۶- روش‌های مبتنی بر فاصله ۱۶۷
۶-۱ مقدمه ۱۶۷
۶-۲ ماتریس فاصله ۱۶۷
۶-۳ فاصله‌های عددی ۱۶۸
۶-۴ فاصله‌های فراعددی ۱۶۹
۶-۵ روش‌های تفسیر درخت براساس فاصله ژنتیکی ۱۷۱
۶-۵-۱ روش‌های آنالیز خوشه‌ای ۱۷۱
۶-۵-۱-۱ روش جفت گروهی ارزشی با میانگین‌های عددی (WPGMA) ۱۷۱
۶-۵-۱-۲ بازسازی درخت فیلوژنی با روش جفت گروهی غیرارزشی با میانگین‌های عددی UPGMA ۱۷۶
۶-۵-۱-۳ مزایا و معایب روش‌های خوشه‌بندی ۱۸۲
۶-۵-۲-۱ روش الحاق همسایگان (NJ) ۱۸۳
۶-۵-۲-۲ مزایا و معایب روش الحاق همسایگان ۱۹۴
۶-۶ روش‌های مبتنی بر بهینگی ۱۹۶

٦-٦-١ روش فیچ- مارگولیاش ١٩٧
٦-٦-٢ روش کمینهٔ تکامل ٢٠٠
٦-٧ اجرای برنامه MEGA ٢٠١
فصل ٧- روش بیشینهٔ درست‌نمایی ٢١٥
٧-١ مقدمه ٢١٥
٧-٢ بیشینهٔ درست‌نمایی ٢١٦
٧-٣ مفهوم بیشینه درست‌نمایی در فیلوژنی ٢٢٠
٧-٤ رابطه ریاضی محاسبه درست‌نمایی برای هر درخت ٢٢٧
٧-٥ یافتن درخت بیشینه درست‌نمایی ٢٣٠
٧-٦ آزمون SH ٢٣٢
٧-٧ آنالیز بیشینهٔ درست‌نمایی ٢٣٣
٧-٧-١ آنالیز بیشینهٔ درست‌نمایی با برنامه MEGA ٢٣٣
٧-٧-٢ آنالیز بیشینهٔ درست‌نمایی با برنامه raxmlGUI ٢٣٧
٧-٨ اجرای آزمون SH ٢٤٤
فصل ٨- روش بیزی ٢٥٣
٨-١ مقدمه ٢٥٣
٨-٢ قاعده آماری بیز ٢٥٣
٨-٣ احتمال پیشین پارامترها ٢٥٦
٨-٤ الگوریتم مارکوف چین مونت کارلو (MCMC) ٢٥٩
٨-٥ الگوریتم متروپولیس کاپلد مارکوف چین مونت کارلو (MCMCMC) ٢٦٢
٨-٦ همگرایی زنجیره‌ها ٢٦٤
٨-٧ اجرای برنامه MrBayes ٢٦٥
٨-٨ شرح و تفسیر درخت‌های فیلوژنی ٢٨٥
فصل ٩- ساعت مولکولی، تخمین زمان واگرایی و تعیین درخت گونه‌ای ٢٨٧
٩-١ مقدمه ٢٨٧

۹-۲ نرخ ناپایدار ساعت مولکولی ۲۸۸
۹-۳ ساعت موضعی ۲۸۹
۹-٤ کالیبراسیون ۲۸۹
۹-۵ ساعت مولکولی و برآورد زمان انشعاب توالی‌های اجدادی ۲۹۰
۹-٦ آزمون ساعت مولکولی ۲۹۰
۹-۷ تخمین زمان واگرایی با برنامه BEAST ۲۹٦
فصل ۱۰- تکامل صفات ۳۲۱
۱۰-۱ مقدمه ۳۲۱
۱۰-۲ برنامهٔ Mesquite ۳۲۱
۱۰-۳ تجزیه و تحلیل روند تکامل صفات در چهارچوب فیلوژنی مولکولی ۳۲۸
مراجع ۳۳۳
واژه‌نامه توصیفی ۳۵۳
نمایه ۳٦۵

پیشگفتار نگارندگان

امروزه باور اغلب صاحب‌نظران علم طبقه‌بندی موجودات زنده بر این است که استناد به شباهت‌های ریخت‌شناسی به‌تنهایی منجر به داوری‌های نادرست دربارهٔ روابط متصور بین موجودات زنده می‌شود، از این‌رو مقایسهٔ داده‌های ریخت‌شناسی با نتایج آنالیزهای فیلوژنتیکی به‌دست آمده از مقایسه توالی‌های نواحی ژنومی و یا غیرژنومی، راهکار مناسبی برای حصول اطمینان از روابط بین موجودات زنده است. همهٔ موجودات از یک جد مشترک تکامل یافته‌اند، فرایندهای مختلف مؤثر در ایجاد گوناگونی، به تنوع امروزی منجر شده است. این مکانیزم‌ها شامل جهش‌ها، دو برابر شدن ژن‌ها، نوآوری ژنوم‌ها و تبادل ژنتیکی مانند نوترکیبی، بازآرایی و انتقال افقی ژن هستند. روش‌های فیلوژنتیکی شباهت‌های بین ژن‌ها را با فرض این‌که این ژن‌ها هم‌ساخت هستند (دارای جد مشترک) در نظر می‌گیرند.

بازسازی روابط تکاملی، نیاز به دانش مقدماتی دربارهٔ مفاهیم علم تکامل، آشنایی با داده‌های مختلف به‌ویژه توالی‌های DNA و مفید بودن آن‌ها، انتخاب صحیح و حساب شدهٔ گونه‌ها و جنس‌های مناسب، بازسازی فیلوژنی و درنهایت تفسیر روابط بازسازی شده دارد. آشنایی با نرم‌افزارهای موجود و محیط‌های گرافیکی مرتبط نیز از ملزومات این نوع مطالعات است. کتاب حاضر براساس تجربهٔ چندین ساله تدریس نگارنده نخست و برگزاری کارگاه‌های آموزشی و مراجعه به معتبرترین آثار و مقالات در زمینهٔ

فیلوژنی تدوین شده است. در این کتاب، آموزش هر بخش با طرح مفاهیم پایه‌ای و اصولی آغاز شده و در پایان هر فصل مراحل اجرای نرم‌افزارها با رسم شکل برای استفاده عموم توضیح داده شده است مراجع مربوط به متن، جداول و اشکال ذکر شده‌اند؛ ولی اشکال مربوط به مراحل اجرای برنامه‌ها، بدون مرجع قید شده‌اند.

نوشتهٔ حاضر برای دانشجویان تحصیلات تکمیلی (کارشناسی ارشد و دکتری) رشته‌های سیستماتیک گیاهی و جانوری، سایر گرایش‌های زیست‌شناسی، گرایش‌های مختلف رشتهٔ کشاورزی به‌ویژه بیوتکنولوژی کشاورزی، بیماری‌شناسی گیاهی و حشره‌شناسی و همچنین گرایش‌های مختلف علوم‌پایه پزشکی نظیر ویروس‌شناسی، انگل‌شناسی و باکتری‌شناسی به‌عنوان کتاب درسی تدوین شده است. امید است این کتاب افزون بر دانشجویان، برای مدرسان و پژوهشگران نیز سودمند واقع شود. لذا تقاضا داریم که خوانندگان محترم کاستی‌های احتمالی آن را یادآور شوند، تا در چاپ‌های بعدی اصلاح گردد.

در پایان از جناب استاد دکتر علی‌اصغر معصومی به‌دلیل تشویق‌های صمیمانه ایشان جهت نگارش این کتاب سپاسگزاری می‌کنیم و از سرکار خانم‌ها ربابه شاهی و هاجر حسن‌پور و جناب آقای مجید پدرام که از کمک‌های بی‌دریغشان در تمام مراحل تألیف بهره بردیم کمال تشکر را داریم.

شاهرخ کاظم‌پور اوصالو

فریده محرک