

اللهُ أَكْبَرُ
اللَّهُ أَكْبَرُ وَلِلَّهِ الْحَمْدُ
الْحَمْدُ لِلَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ
الْمُصْلِحُ لِلنَّاسِ
لَا يَعْلَمُ لِمَنِ الْأَمْرُ
يُنَزَّلُ
يُنَزَّلُ عَلَىٰ مَنِ اتَّخَذَ عَوْنَاطِ
الْمُنْكَرَ
فَلَمَّا
فَلَمَّا

دانشکده علوم پایه

گروه زیست‌شناسی

سیستماتیک گیاهی

بررسی فیلوزنی مولکولی طایفه Rhinantheae (تیره گل میمونی) در

ایران

از

نیوشا جعفرزاده

اساتید راهنما

دکتر شهریار سعیدی مهرورز

دکتر شاهرخ کاظم پور اوصالو

شهریور ۱۳۸۹

تقدیم به پدر و مادر نازنینم

به پاس قلب های بزرگشان که فریاد رس است

و به پاس محبت های بی دریغشان که هرگز فروکش نمی کند

سپاس مخصوص خداوند است که هر آنچه در آسمانها و زمین است همه ملک اوست.

از استاد گرامی ام، جناب آقای دکتر شهریار سعیدی مهرورز باخاطر تمامی زحمات و کمک های بی دریغشان، سپاسگزارم.
سپاسگزار و مدیون استاد فرزانه و مهربانم جناب آقای دکتر شاهرخ کاظم پور اوصالو میباشم که با کمک ها و راهنمایی های ارزشمندانشان در طی مراحل مختلف این پایان نامه یاریگرم بودند.

از جناب آقای دکتر اکبر نورسته نیا داور داخلی این پایان نامه باخاطر پذیرفتن زحمت داوری این پایان نامه کمال تشکر را دارم.
از جناب آقای دکتر جمیل واعظی داور خارجی این پایان نامه باخاطر تقبل زحمت داوری این پایان نامه صمیمانه تشکر می کنم.
از سرکار خانم دکتر فربدۀ عطار که امکان استفاده از نمونه های هرباریوم دانشگاه تهران را فراهم نمودند، سپاسگزارم.

از جناب آقای راعی به خاطر همراهی و مساعدت در طی این مسیر دشوار، صمیمانه تشکر و قدردانی می نمایم.
از دوستان خوب و مهربانم در دانشگاه تربیت مدرس خانم ها امیراحمدی، کاوه، حسینی، نادری، اسکوییان، جعفری و معین که که در این مسیر از هیچ کمکی به اینجانب دریغ ننموده اند و در کنار آنها بودن تمامی سختی ها را آسان می کرد، تشکر می کنم.
از آقای زمانی که زحمت تهیه و جمع آوری تعدادی از نمونه های طبیعی را متقبل شدند، سپاسگزارم.
از دوستان عزیزم در دانشگاه تهران خانم ها صمدی و سلمکی که همواره باعث دلگرمی اینجانب بودند قدردانی می کنم.
از دوستان خوبم در دانشگاه گیلان خانم ها یوسفی، شاهی، هدایی و مختاری کمال تشکر را دارم.
از خواهران عزیز و مهربانم که همواره در زندگی پشتیبان من هستند و خواهرزاده عزیزم رونیکا کوچولو بی نهایت سپاسگزارم.
و در پایان از پدر و مادر عزیزم که تجلی مهربانی خداوند برایم هستند قدردانی میکنم.

صفحه	عنوان
	فصل اول : مقدمه
۲	Lamiales ۱-۱ راسته
۵	Scrophulariaceae ۲-۱ تیره
۱۲	Scrophulariaceae ۱-۲-۱ ویژگی های ریخت شناسی
۱۳	Scrophulariaceae ۲-۲-۱ اختصاصات تشریحی تیره
۱۳	Scrophulariaceae ۳-۲-۱ مصارف اقتصادی و دارویی تیره
۱۴	Scrophulariaceae ۴-۲-۱ پراکنش جغرافیایی تیره
۱۴	Orobanchaceae ۳-۱ تیره
۲۲	Orobanchaceae ۱-۳-۱ ویژگی های ریخت شناسی تیره
۲۲	Orobanchaceae ۲-۳-۱ مصارف اقتصادی تیره
۲۳	Orobanchaceae ۳-۳-۱ پراکنش تیره
۲۴	Rhinanthaeae ۴-۱ طبقه بندی و فیلوجنی قبیله
۲۵	Rhinanthaeae ۱-۴-۱ پراکنش جغرافیایی قبیله
۲۵	Rhinanthaeae ۲-۴-۱ مطالعات انجام شده در قبیله
۲۵	۱-۲-۴-۱ مطالعات مولکولی
۲۶	۲-۲-۴-۱ مطالعات ریخت شناسی
۳۲	۳-۲-۴-۱ مطالعات ریخت شناسی و مولکولی سرده های قبیله Rhinantheae
۳۵	۱-۵ توالی های DNA مورد استفاده در سیستماتیک مولکولی
۳۶	۱-۵-۱ توالی های DNA هسته ای
۳۷	۲-۵-۱ توالی های DNA کلروپلاستی
۳۹	۱-۶ اهداف

فصل دوم : مواد و روش ها

۴۱.....	۱-۲ مطالعات فیلوزنی مولکولی
۴۱.....	۱-۱-۱ تهیه و جمع آوری نمونه های گیاهی
۴۹.....	۲-۱-۲ استخراج DNA
۵۰.....	۳-۱-۲ تعیین غلظت و خلوص DNA
۵۰.....	۴-۱-۲ واکنش زنجیره ای پلیمراز (PCR)
۵۱.....	۱-۴-۱-۲ آغازگر های مورد استفاده
۵۱.....	۲-۴-۱-۲ مراحل اصلی یک برنامه PCR
۵۱.....	۳-۴-۱-۲ دستورالعمل یک واکنش استاندارد PCR
۵۲.....	۴-۴-۱-۲ برنامه دمایی واکنش PCR برای تکثیر قطعات nrDNA ITS
۵۳.....	۵-۴-۱-۲ برنامه دمایی واکنش PCR برای تکثیر قطعات cpDNA <i>rps2</i>
۵۳.....	۵-۱-۲ الکتروفورز ژل آگاروز
۵۴.....	۶-۱-۲ تعیین توالی مناطق تکثیر شده
۵۴.....	۷-۱-۲ هم دیف سازی توالی ها
۵۴.....	۲-۲ آنالیز فیلوزنی
۵۵.....	۱-۲ روش ماسیمم پارسیمونی (بیشینه صرفه جویی)
۵۵.....	۲-۲-۲ روش Bayesian
۵۶.....	۳-۲-۲ آزمون ترکیب پذیری دو مجموعه اطلاعات
۵۶.....	۴-۲-۲ مقایسه دو روش آنالیزی ماسیمم پارسیمونی و Bayesian
۵۷.....	۳-۲ مطالعه تشریحی برگ
۵۷.....	۳-۳-۲ تثبیت نمونه ها و برش گیری
۵۷.....	۱-۱-۳-۲ آماده سازی نمونه ها
۵۷.....	۲-۱-۳-۲ برش گیری

۵۷.....	رنگ آمیزی ۳-۱-۳-۲
۵۸.....	رنگ بری نمونه ها ۴-۱-۳-۲
۵۸.....	تهیه رنگ و رنگ آمیزی ۲-۳-۲
۵۸.....	بررسی صفات تشریحی پهنهک ۳-۳-۲

فصل سوم : نتایج

۶۰.....	nrDNA ITS ۱-۳ آنالیز داده های
۶۰.....	روش ماکسیمم پارسیمونی ۱-۱-۳
۶۴.....	Bayesian ۲-۱-۳ روش
۶۶.....	cpDNA <i>rps2</i> ۲-۲ آنالیز داده های
۶۶.....	روش ماکسیمم پارسیمونی ۱-۲-۳
۶۹.....	Bayesian ۲-۲-۳ روش
۷۱.....	cpDNA <i>rps2</i> و nrDNA ITS ۳-۳ آنالیز داده های ترکیبی
۷۱.....	روش ماکسیمم پارسیمونی ۱-۳-۳
۷۵.....	Bayesian ۲-۳-۳ روش
۸۳.....	۴-۳ نتایج حاصل از ریز ریخت شناسی صفات تشریحی
۸۳.....	۱-۴-۳ رگبرگ میانی
۸۴.....	۲-۴-۳ پهنهک

فصل چهارم : بحث و نتیجه گیری

۹۱.....	۱-۴ فیلوژنی قبیله Rhinantheae و سرده های درون آن
۹۳.....	۲-۴ مقایسه نتایج حاصل از داده های هسته ای cpDNA <i>rps2</i> و nrDNA ITS و کلروپلاستی
۹۶.....	۳-۴ مقایسه روش های آنالیز ماکسیمم پارسیمونی و Bayesian

فهرست مطالب

۹۶.....	۴-۴ موقعیت شاخه قاعده ای تیره Orobanchaceae
۹۷.....	۴-۵ جنرافیای زیستی قبیله Rhinantheae
۹۸.....	۶-۶ صفات تشریحی
۹۹.....	۱-۶-۴ ارزیابی صفات تشریحی در چارچوب فیلوزنی مولکولی
۱۰۰.....	۷-۴ نتیجه گیری نهایی
۱۰۱.....	۸-۴ پیشنهادات

فصل پنجم : منابع

۱۰۳.....	منابع
۱۰۹.....	پیوست

فهرست جداول ها

- جدول ۱-۲ لیست گونه های جمع آوری شده جهت مطالعات مولکولی و تشریحی برگ ۴۲
- جدول ۲-۱ لیست گونه های آنالیز شده برای توالی هسته ای ITS و کلروپلاستی *rps2* ۴۴
- جدول ۲-۲ توالی آغازگرهای مورد استفاده جهت PCR ۵۱
- جدول ۲-۳ ترکیب یک واکنش PCR ۵۲
- جدول ۳-۱ دامنه برخی از صفات تشریحی اندازه گیری شده در گونه های مورد مطالعه قبیله Rhinantheae ۸۶

- ۲..... شکل ۱-۱ کلادوگرام حاصل از توالی *ndhF* و *rbcL*
- ۴..... شکل ۱-۲ درخت مطلق مرکزی حاصل از توالی *ndhF*
- ۱۰..... شکل ۱-۳ درخت مطلق مرکزی حاصل از توالی های *rps2*, *rbcL*, *ndhF*
- ۱۲..... شکل ۱-۴ درخت مطلق مرکزی حاصل از توالی های *rps16* و *trnL/F*, *ndhF*
- ۱۴..... شکل ۱-۵ نقشه پراکنش تیره Scrophulariaceae
- ۱۷..... شکل ۱-۶ درخت ماکسیمم پارسیمونی حاصل از توالی ITS به همراه پراکنش جغرافیایی تاکسونها
- ۱۸..... شکل ۱-۷-الف بخش قاعده ای درخت maximum likelihood حاصل از توالی PHYA
- ۱۹..... شکل ۱-۷-ب بخش انتهایی درخت maximum likelihood حاصل از توالی PHYA
- ۲۲..... شکل ۱-۸ درخت مطلق مرکزی حاصل از توالی *matK* و *rps2*
- ۲۴..... شکل ۱-۹ نقشه پراکنش تیره Orobanchaceae
- ۲۸..... شکل ۱-۱۰-الف تصاویر دانه گرده نوع I retipilate
- ۲۹..... شکل ۱-۱۰-ب تصاویر دانه گرده نوع I retipilate
- ۳۰..... شکل ۱-۱۰-ج تصاویر دانه گرده نوع II verrucate
- ۳۱..... شکل ۱-۱۰-د تصاویر دانه گرده نوع V micro-reticulate
- ۳۲..... شکل ۱-۱۱ درخت مرکزی ۱۳ تا کوتاهترین درخت حاصل از دو بار وزن دهنده با شاخص RC
- ۳۵..... شکل ۱-۱۲ نقشه پراکنش سرده *Euphrasia* به همراه فرضیه های پراکنش
- ۳۶..... شکل ۱-۱۳ ناحیه فاصله گذار رونویسی شونده داخلی nrDNA ITS
- ۳۸..... شکل ۱-۱۴ تصویری از ژنوم کلروپلاستی *Epifagus virginiana*
- ۵۳..... شکل ۱-۲ نمونه ای از باندهای nrDNA ITS در ژل آگاروز الکتروفورز شده

..... شکل ۲-۲ نمونه ای از کروماتوگرام پس از تعیین توالی	۵۴
..... شکل ۱-۳ درخت مطلق مرکزی حاصل از آنالیز nrDNA ITS با استفاده از روش ماکسیمم پارسیمونی	۶۱
..... شکل ۲-۳ درخت فیلوزنی حاصل از آنالیز nrDNA ITS با استفاده از روش Bayesian	۶۵
..... شکل ۳-۳ درخت مطلق مرکزی حاصل از آنالیز cpDNA <i>rps2</i> با استفاده از روش ماکسیمم پارسیمونی	۶۷
..... شکل ۳-۴ درخت فیلوزنی حاصل از آنالیز cpDNA <i>rps2</i> با استفاده از روش Bayesian	۷۰
..... شکل ۳-۵ درخت مطلق مرکزی حاصل از آنالیز ترکیبی داده های cpDNA <i>rps2</i> و nrDNA ITS با استفاده از روش ماکسیمم پارسیمونی	۷۲
..... شکل ۳-۶ درخت فیلوزنی حاصل از آنالیز داده های ترکیبی cpDNA <i>rps2</i> و nrDNA ITS با استفاده از روش Bayesian	۷۶
..... شکل ۷-۳ تصویر <i>Lathraea squamaria</i>	۷۷
..... شکل ۸-۳ تصویر <i>Lathraea squamaria</i>	۷۷
..... شکل ۹-۳ تصویر <i>Odontites aucheri</i>	۷۸
..... شکل ۱۰-۳ تصویر <i>Odontites aucheri</i>	۷۸
..... شکل ۱۱-۳ تصویر <i>Bungea trifida</i>	۷۹
..... شکل ۱۲-۳ تصویر <i>Bungea trifida</i>	۷۹
..... شکل ۱۳-۳ تصویر <i>Pedicularis sp.</i>	۸۰
..... شکل ۱۴-۳ تصویر <i>Euphrasia sp.</i>	۸۰
..... شکل ۱۵-۳ تصویر <i>Rhynchocorys maxima</i>	۸۱
..... شکل ۱۶-۳ تصویر <i>Melampyrum caucasicum</i>	۸۱
..... شکل ۱۷-۳ تصویر <i>Bellardia trixago</i>	۸۲

فهرست شکل ها

- ۸۲..... شکل ۱۸-۳ تصویر *Odontites verna*
- ۸۳..... شکل ۱۹-۳ تصویر *Rhinanthus vernalis*
- ۸۵..... شکل ۲۰-۳ تصویری از برش عرضی رگبرگ میانی *Odontites aucheri*
- ۸۷..... شکل ۲۱-۳-الف برش های تشریحی گونه های قبیله *Rhinantheae*
- ۸۸..... شکل ۲۱-۳-ب برش های تشریحی گونه های قبیله *Rhinantheae*
- ۸۹..... شکل ۲۱-۳-ج برش های تشریحی گونه های قبیله *Rhinantheae*

بررسی فیلوزنی مولکولی طایفه Rhinantheae (تیره گل میمونی) در ایران

نیوشا جعفرزاده

قبیله Rhinantheae دارای ۲۴ گونه (نه سرده نیمه انگل و سرده انگل کامل *Lathraea*) در ایران است. اغلب گونه های این قبیله در شمال و غرب ایران پراکنده شده اند. در این مطالعه ۹۴ تاکسون (۸۷ گونه در آنالیز ITS, ۷۷ گونه در آنالیز nrDNA ITS و ۶۸ گونه در آنالیز ترکیبی) شامل ۴۸ تاکسون از Rhinantheae و Buchnereae و Verbasum از Orobanchaceae به عنوان درون گروه و *Paulownia tomentosa* به همراه *Scrophulariaceae speciosum* مانند گونه برون گروه به منظور بازسازی روابط فیلوزنی مورد بررسی قرار گرفتند. روش ماکسیمم پارسیمونی تعییه شده در نرم افزار PAUP* و روش Bayesian در نرم افزار MrBayes برای آنالیزهای فیلوزنی استفاده شد. نتایج ما نشان می دهند که Rhinantheae پیراتبار است. *Bungea trifida* در قاعده درخت قرار می گیرد و با سایر اعضاء خویشاوند دور است. دو گونه ایرانی بررسی شده در اینجا با گونه های اروپایی *Pedicularis* خواهر هستند و همگی با حمایت بالایی با سرده های مربوط به آمریکای شمالی و جنوبی *Melampyrum* و *Orthocarpus* خویشاوندند. *Tripysaria* تک تبار است و برای سایر اعضاء Rhinanthoid خواهر محسوب می شود. آنالیزهای فیلوزنی نشان میدهد که *Lathraea*, *Rhynchocorys* و *Bellardia* و *Parentucellia* در یک Rhinanthus تک تبار هستند و همگی با یکدیگر یک کلاد را تشکیل می دهند. *Odontites* بطور ضعیفی با کلاد شامل گونه های *Euphrasia* خویشاوند است. در مطالعات تشریحی برگ، ۱۱ گونه از ده سرده قبیله مزبور در ایران مورد بررسی قرار گرفت. صفات ریخت شناسی و تشریحی اندازه گیری شد و مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج نشان می دهد که قبیله Rhinantheae یک گروه heterogeneous است و صفات مذکور از گونه ای به گونه دیگر متمایز می باشد.

کلید واژه: فیلوزنی مولکولی، قبیله Rhinantheae، ژن هسته ای ITS, ژن کلروپلاستی rps2، مطالعات تشریحی، ایران.

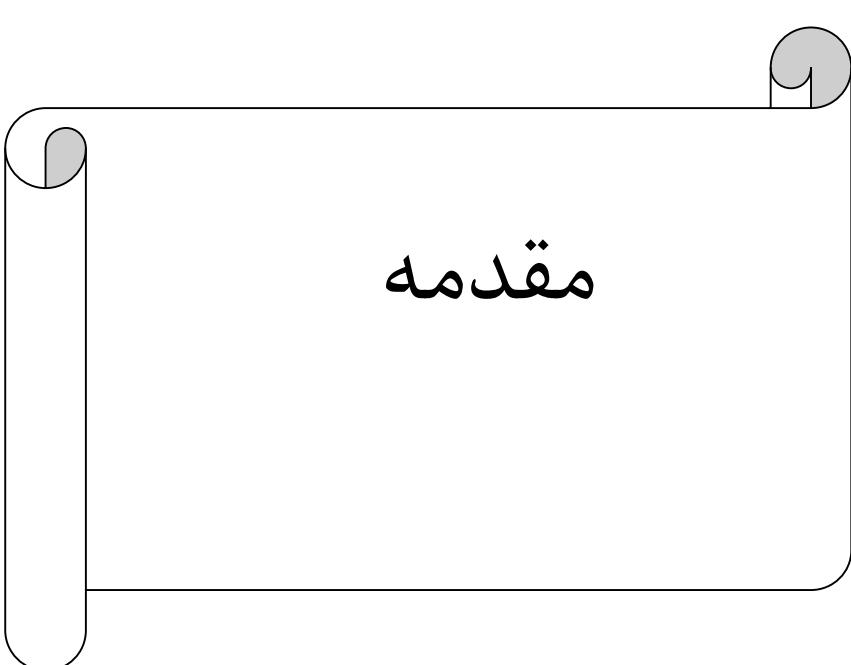
Abstract

Molecular phylogeny of the tribe Rhinantheae (Scrophulariaceae) in Iran

Niousha Jafarzadeh

The tribe Rhinantheae comprises 24 species (nine hemiparasitic genera plus the holoparasitic genus *Lathraea*) in Iran. The majority of the species are distributed in north and west of Iran. In this study 94 species (87 species for nrDNA ITS, 77 species for cpDNA *rps2* and 68 species for combined sequence data) including 48 taxa of Rhinantheae, 13 taxa of Buchnereae and 29 taxa of Orobanchaceae as ingroups plus *Paulownia tomentosa* as well as *Verbascum speciosum* of Scrophulariaceae as outgroups for reconstructing phylogenetic relationships were studied. Maximum parsimony approach implemented in PAUP* and Bayesian method using MrBayes used for phylogenetic analysis. Our results showed that Rhinantheae is polyphyletic. *Bungea trifida* is placed at the base of the tree and distantly related with other genera. *Pedicularis* is well supported monophyletic group. The two Iranian species analyzed here are sister to the European *Pedicularis* species, which altogether well allied with North and South American genera *Triphysaria* and *Orthocarpus*. *Melampyrum* is monophyletic and sister to the bulk of other rhinanthoid genera. The phylogenetic analyses revealed that *Rhynchocorys*, *Lathraea* and *Rhinanthus* are each monophyletic and altogether form a clade. *Parentucellia* and *Bellardia* form a clade together. *Odontites* is weakly allied with a clade of *Euphrasia* species. The leaf anatomy and morphology of 11 species belonging to 10 genera of the Iranian Rhinantheae were investigated. The morphological and anatomical features determined and compared. Our results showed that the Rhinantheae tribe is a heterogeneous group and their leaf anatomical and morphological characteristics vary from species to species.

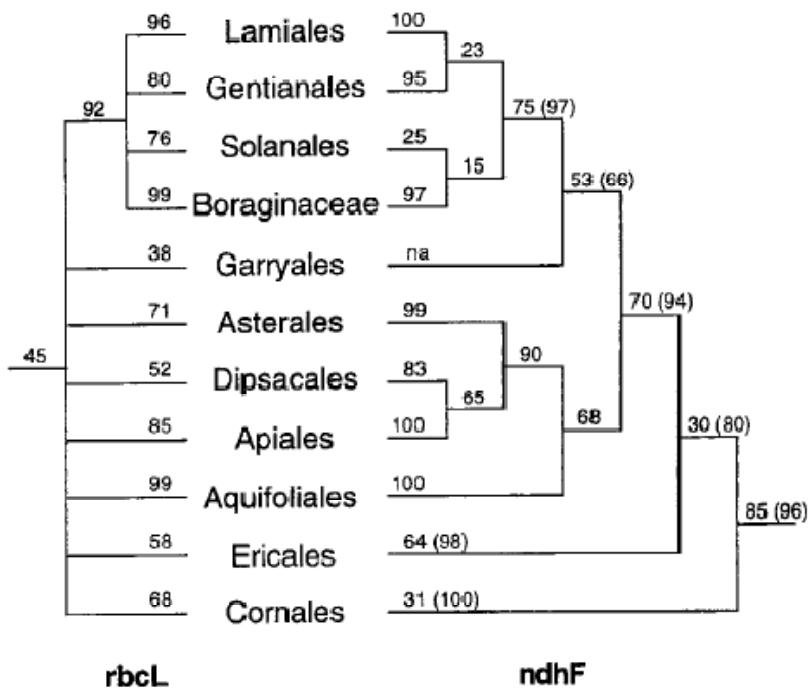
Key words: Molecular phylogeny, Tribe Rhinantheae, nrDNA ITS, cpDNA *rps2*, Leaf anatomy, Iran.



مقدمة

1-1 راسته Lamiales

شاخه asteridae نماینده گروههایی کوچک از پیوسته گلبرگها است که عمدتاً توسط جام گل پیوسته مشخص می‌شوند (Olmstead et al., 1993). تک تباری این شاخه توسط مطالعات مولکولی بر اساس توالی های *rbcL* (Olmstead et al., 1993) و *ndhF* (al., 1993) حمایت می‌شود. بر اساس نتایج حاصل از توالی *rbcL* ۱۱ کلاد درون شاخه asteridae تشخیص داده شده است. همانگونه که در (شکل ۱-۱) مشاهده می‌شود روابط در شاخه asteridae بر اساس توالی *ndhF* با نتایج قبلی حاصل از توالی *rbcL* سازگار است، با این تفاوت که در توالی *ndhF* بسیاری از روابط به خوبی حل شده و همچنین حمایت شاخه‌ها در کلادها افزایش یافته است.



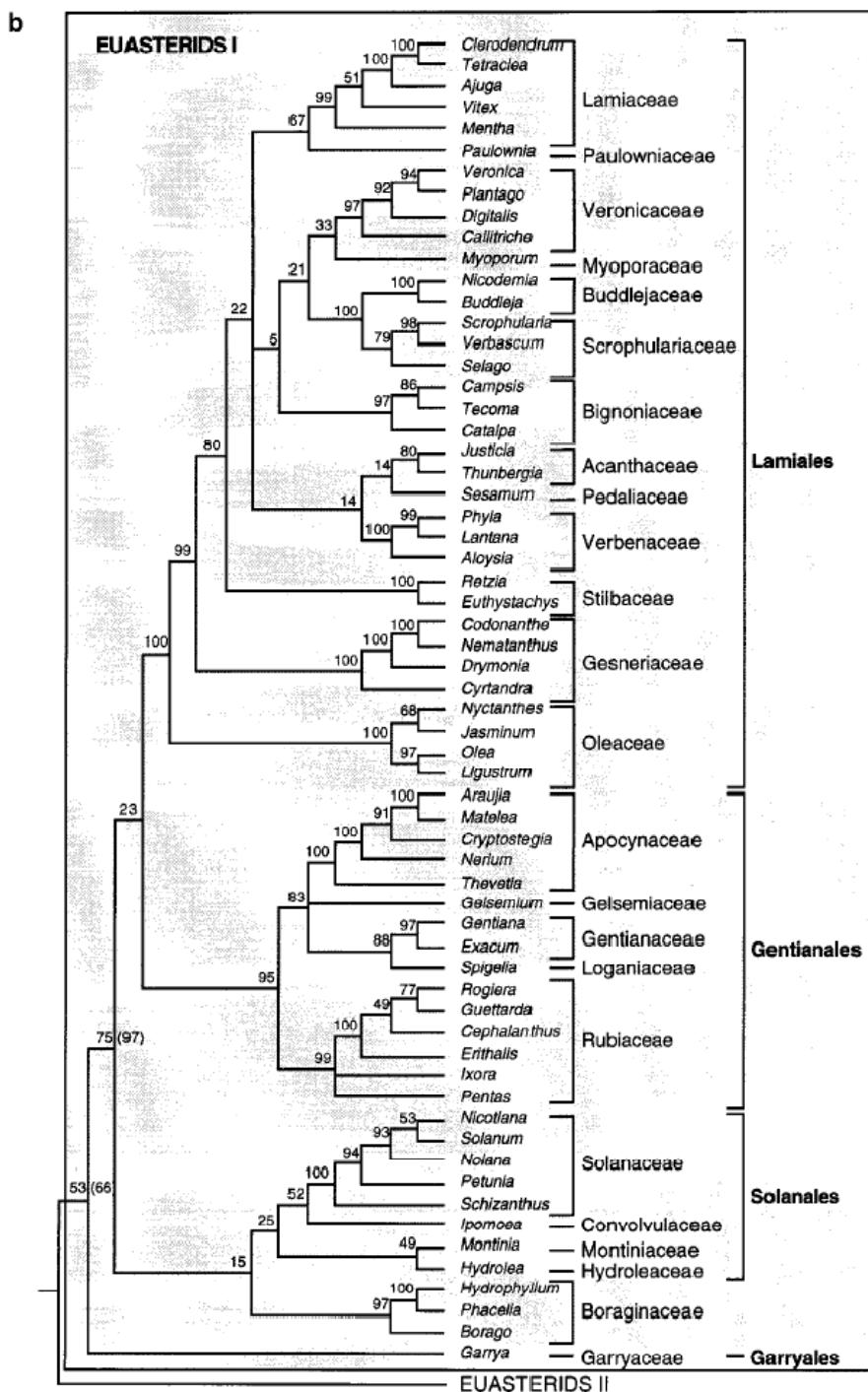
شکل ۱-۱ کلادوگرام حاصل از توالی *ndhF* و توالی *rbcL* توسط Olmstead et al. (1993) (1999)

شاخه asteridae همانگونه که در (شکل ۲-۱) مشاهده می شود به دو بخش Euasterid I و Euasterid II تقسیم می شود، که راسته Gentianales با حمایت بسیار خوبی (۱۰۰ درصد) متعلق به کlad I Euasterid است و با (Olmstead et al., 1999) خویشاوند می باشد.

در میان نهادهای راسته Lamiales شامل تیره های بزرگ مختلف شناخته شده ای است که با هر دو پراکنش گرم‌سیری و معتمله هستند (Olmstead et al., 2001). این راسته بر اساس APG I^۱ (2003) شامل یک کlad اصلی از گیاهان گلدار در حدود ۱۷۸۰۰ گونه و ۲۳ تیره می باشد که ۱۲٪ از تنوع دولپه ایها را نشان می دهد. تک تباری^۲ راسته توسط مطالعات (Backlund et al., 1998, Oxelman et al., 1999, Albach et al., 2001, Bremer et al., 2002) و داده های فیتوژئومیایی به خوبی حمایت می شود. از لحاظ صفات ریخت شناسی این راسته توسط برگ های متقابل، گلهای نامنظم پیوسته گلبرگ، الیگوساکارید ها، فرآورده غالب فلاونهای اکسیژنه، جنین نوع onagrad شکل کپسول مشخص می شوند (Oxelman et al., 2005).

¹Angiosperm Phylogeny Group II

²Monophyletic



شکل ۱-۲ درخت مطلق مرکزی حاصل از توالی *ndhF* توسط Olmstead et al. (1999)

۱-۲ تیره Scrophulariaceae

همانطور که در طبقه بندی سنتی مشخص شده Scrophulariaceae بزرگترین تیره در راسته Lamiales همراه با پراکنش جهانی است. این تیره از سایر خویشاوندش به راحتی تشخیص داده می شود. گلهای دو لبه متقاضن که اغلب غده ای هستند، تخمداهایی با تمکن محوری و تعداد زیادی تخمک، میوه ها به شکل کپسول صفات ویژه این تیره هستند، که هر یک از آنها با یک یا چندین تیره خویشاوند مشترک است. این شرح توسط مطالعات فیلوجنتیکی مولکولی مختلف تیره های راسته Lamiales تایید می شود، که تک تباری بسیاری از تیره های بیان شده را تعیین کرده اند، در نتیجه پیشنهاد شده که ویژگی های ذکر شده بیانگر صفات پیشرفته برای آن تیره ها هستند. عدم حضور ویژگی های مذکور به طور منحصر به فردی احتمال پیراتبار^۱ بودن این تیره را بالا می برد (Olmstead et al., 2001). اگر چه سابقاً تردیدهایی مبنی بر اینکه Scrophulariaceae یک تیره غیرطبیعی است و مفهوم Scrophulariaceae به یک تجدید نظر تکاملی نیاز دارد وجود Reeves (1995) و Olmstead بر اساس توالیهای ژنهای کلروپلاستی *rbcL* و *ndhF* داشت، اما این موضوع توسط مورد بررسی قرار گرفت که نهایتاً دو کlad مشخص از اعضای تیره، شامل ("scroph I") متشکل از *Buddleja* L. و *Antirrhinum* L. ("scroph II") و *Scrophularia* L. و *Verbasum* L. و *Selago* L. و *Callitricha* L. و *Hippuris* L. و *Plantago* L. و *Veronica* L. و *Digitalis* L. چوبی *Paulownia* که قبلاً در تیره Scrophulariaceae طبقه بندی شده بود به Scrophulariaceae منتقل شد. تمامی گیاهان انگلی^۲ که قبلاً در Orobanchaceae و Scrophulariaceae قرار داده شده بودند در یک کlad تک تبار قرار گرفتند و پیشنهاد شد که تیره Scrophulariaceae پیراتبار است. تیره Scrophulariaceae بر اساس APGII (2003) تقریباً متشکل از کلادی است که (1995) Reeves و Olmstead به عنوان "scroph I" معرفی کرده بودند و شامل *Androya* و *Myoporaceae* و سرده *Oxelmam* et al., 2005 می باشد. نمونه برداری محدود از تیره Scrophulariaceae s.l.(sensu lato) امکان اینکه کلادهای مجزای دیگری علاوه بر سه کlad مشخص شده توسط Reeves و Olmstead (1995) وجود داشته باشد را می دهد. در این مطالعه نشان داده شد که زیر تیره *Antirrhinoideae* پیرا تبار است، *Rhinanthoideae* که شامل دو قبیله غیر انگلی *Digitaleae* و *Veroniceae* و دو قبیله انگلی (*Euphrasieae* Benth.) *Rhinantheae* و *Buchnereae* می باشد تنها با دو

¹ Polyphyletic

² Parasitic plants

نماینده غیر انگلی *Veronica* و *Digitalis* نشان داده شد، بنابراین هیچ یک از موقعیت انگلی ها و تک تباری زیر تیره Rhinanthroideae مشخص نشد (Young et al., 1999).

همانند سایر تیره ها تاریخ طبقه بندی Scrophulariaceae شامل محدوده های مختلفی است (Olmstead et al., 2001). بهترین طبقه بندی های این تیره در قرن نوزدهم توسط (1846) Bentham که تیره Selaginaceae را به طور Orobanchaceae, Lentibulariaceae, Plantaginaceae و Wettstein (1895) مجرا معرفی کرد، به عنوان تیره های جدایه تشخیص داد و (Hallier 1903) که بزرگترین محدوده تیره را مشخص کرد، ارائه شده است (Oxelman et al., 2005).

بیش از همه طبقه بندی تیره مستقیماً از کارهای (1846,1876) Bentham نتیجه شده است. وی سه زیر تیره Pseudosolaneae, Antirrhinoideae و Rhinanthroideae با توجه به ویژگی های پایه ای که نشان می دهد یک حلقه اتصالی با Solanaceae دارد (گلهای متقارن، آرایش برگی متناوب و حضور پنج پرچم همانند *Verbascum*) در دو زیر تیره دیگر از نظر ویژگی های جام گل، لوبهای عقبی جام گل به سمت خارج لوبهای جانبی در Antirrhinoideae و بر عکس در Rhinanthroideae قرار دارد (Pennell 1935) با توجه به کارهای (1891) و (1931) Robyns پیشنهاد کرد که شباهت های ذکر شده با Solanaceae در حقیقت از Scrophulariaceae مشتق شده است. بنابر این Pennell زیر تیره Pseudosolaneae را حذف کرد و سرده های آن را در Antirrhinoideae قرار داد. متعاقب کارهای Hallier, 1903; Bellini 1907; Melchior, 1964; Barringer, 1993 توسط تعدادی از مؤلفین به عنوان بخشی از Scrophulariaceae لحاظ شده بودند (همچون Van Tieghem 1846) بر اساس تعریف ابتدایی (1846) Buddlejaceae .Bentham و (1907) Myoporaceae را هم شامل می شدند. مطالعات مولکولی اخیر شواهدی را فراهم کرد که و Globulariaceae .Orobanchaceae .Selaginaceae .Plantaginaceae و اعضای نامتقارن Solanaceae را به کلادهای بزرگ Scrophulariaceae و Selaginaceae متعلقند (Olmstead et al., 2001) به اساس صفات ریخت شناسی طبقه بندی های مختلفی از تیره Scrophulariaceae وجود دارد که مجموعه های متنوعی از زیر تیره ها و قبیله ها را شامل می شود. به عنوان مثال Van Tieghem بر اساس تعداد پرچم و (1907) Bellini از اساس صفات و ویژگی های غدد ترشحی شهد دان تقسیم بندی هایی در سطح زیر تیره و قبیله برای این تیره بیان کردند. بر Classis Oppositifoliae .Phylum Angiospermae اساس طبقه بندی (1915) Bessey تقسیم بندی به صورت Superorder Sympetallae _ Dicarpellatae .Subclass Strobiloideae syn: Dicotyledonae می باشد.