

بنام خداوند بخشنده مهربان

۱۱.۷۲۶

۸۷/۱۰۷۳۰۳

۸۷/۱۲۲۶



دانشگاه اصفهان

دانشکده علوم

گروه زیست شناسی

پایان نامه دکتری رشته زیست شناسی علوم گیاهی
گرایش سیستماتیک گیاهی

مطالعه سیستماتیک و تحلیل روابط خویشاوندی در کمپلکس *Festuca - Lolium*
(Poaceae) در ایران با استفاده از صفات ریخت شناختی و روش های مولکولی

استادان راهنما

دکتر حجت الله سعیدی

دکتر محسن مردی

استادان مشاور

دکتر مصطفی اسدی

دکتر بهزاد قره یاضی

پژوهشگر

مجید شریفی تهرانی

مهرماه ۱۳۸۷

۱۳۸۷ / ۱۲ / ۲۱

۱۱۰۷۲۶

کلیه حقوق مادی مترتب بر نتایج مطالعات،
ابتکارات و نوآوری های ناشی از تحقیق موضوع این
پایان نامه متعلق به دانشگاه اصفهان است.



دانشگاه اصفهان

دانشکده علوم

گروه زیست شناسی

پایان نامه دکتری رشته علوم گیاهی - سیستماتیک آقای مجید شریفی تهرانی

تحت عنوان

مطالعه سیستماتیک و تحلیل روابط خویشاوندی در کمپلکس *Festuca - Lolium* (Poaceae) در ایران با

استفاده از صفات ریخت شناختی و روش های مولکولی

در تاریخ ۱۳۸۷/۷/۳۰ توسط هیات داوران زیر بررسی و با درجه عالی به تصویب نهایی رسید.

یا مرتبه علمی

دکتر حجت الله سعیدی

۱- استاد راهنمای پایان نامه

یا مرتبه علمی

دکتر محسن مردی

۲- استاد مشاور پایان نامه

یا مرتبه علمی

دکتر مصطفی اسدی

یا مرتبه علمی

دکتر بهزاد قره یاضی

۳- استاد داور داخل گروه

یا مرتبه علمی

دکتر محمدرضا رحیمی نژاد

یا مرتبه علمی

دکتر سعید افشارزاده

۴- استاد داور خارج گروه

یا مرتبه علمی

دکتر بدرالدین ابراهیم سید طباطبایی

یا مرتبه علمی

دکتر مهدی یوسفی

امضای مدیر گروه: دکتر سید مجید قادریان

سید مجید

سپاسگزاری

تحصیل در مقاطع کارشناسی، کارشناسی ارشد و دکتری، به مدت چهارده سال و اندی (۱۳۷۳ تا ۱۳۸۷) در دانشگاه اصفهان، فرصت مغتنمی بود تا افتخار شاگردی در محضر اساتید ارجمند گروه زیست شناسی دانشگاه اصفهان را کسب نموده و در سایه دلسوزی ها و تلاش های بی شائبه ایشان در مسیر کسب دانش و معرفت طی طریق نمایم. بی شک در این راه، هریک از این عزیزان به نوبه خود چراغ راه من بودند و آمیخته ای از درس مکتب و درس زندگی را به من عرضه نمودند. از خداوند متعال طول عمر با برکت ایشان را خواستارم و برخورد لازم می دانم تا سپاسگزاری و قدردانی صمیمانه خود را از ایشان ابراز نمایم: آقایان دکتر رحیمی نژاد، دکتر آریاوند، دکتر افشارزاده، سرکار خانم دکتر قائم مقامی، آقایان دکتر مستاجران، دکتر وحدتی، دکتر بلالی، دکتر سپاهی، مهندس اسلامی، دکتر المدرس، دکتر مشتاقیان، دکتر ولیان، دکتر توسلی، دکتر روغنیان، دکتر متولی باشی، دکتر میراولیایی، دکتر مدنی، سرکار خانم مهندس افروز، آقایان دکتر جهانگیر نژاد، دکتر فتح پور، دکتر زرکش، دکتر کرمانشاهی، دکتر امتیازی، دکتر بوذری، دکتر گلبانگ، مهندس امامی و دکتر سعیدی. همچنین تشکر ویژه و خسته نباشید عرض می نمایم خدمت اساتید راهنمای عزیز و گرانقدر، جناب آقای دکتر سعیدی و جناب آقای دکتر مردی، و از خداوند متعال برای ایشان آرزوی خیر و برکت دارم.

از کلیه کارمندان و کارکنان دلسوز گروه زیست شناسی که با وجود مشغله زیاد، همه زحمات ایراد شده را با سعه صدر قبول نموده و به انجام رساندند، تشکر می نمایم و برای ایشان آرزوی بهروزی و سعادت می نمایم: سرکار خانم باقری، سرکار خانم قربانی، سرکار خانم بلوکی، آقای مهندس انتشاری، آقای مهندس حیدری، خانم مهندس روحانیان، آقای سلطانی، آقایان آقای، حسینی و سایر کارکنان زحمت کش گروه زیست شناسی. برای آقایان دکتر قادریان، دکتر شریعتی و دکتر احسان پور نیز، ضمن عرض خسته نباشید آرزوی پیشرفت در همه امور می نمایم.

از کلیه دوستانم که همواره مایه دلگرمی و پشتوانه اینجانب بوده اند تشکر می نمایم و برای ایشان آرزوی سلامت و توفیق روزافزون دارم: آقایان مهندس طاهری، دکتر هادی، دکتر مهرگان، دکتر ترکزاده، دکتر بهشتی مآل، مهندس ربانی، دکتر قائم مقامی، دکتر درویشی، دکتر شاکری، دکتر اهتمام، دکتر ناجی، دکتر پیرسیدی، دکتر غفاری، مهندس پور ایران دوست، دکتر مرتضوی، خانم ها مهندس کاظمی و مهندس کریمی، و آقای دکتر مهرنژاد.

در پایان از همکاری بی دریغ موسسه تحقیقات بیوتکنولوژی کشاورزی ایران و خصوصاً ریاست بخش تحقیقات ژنومیکس، جناب آقای دکتر مردی، که دانش فنی و کلیه هزینه های بخش مارکهای ملکولی در این پایان نامه را بر عهده گرفتند، و موجبات آشنایی اینجانب با شخصیت های علمی و یادگیری بسیاری از روش های جدید شدند، و نهایتاً دوره ای به یاد ماندنی و خاطره انگیز از همکاری علمی دوستانه و پر بار را برای اینجانب رقم زدند، صمیمانه قدردانی می نمایم.

و با تشکر از همه رواسا، مدیران، کارمندان و کارکنان دانشکده علوم، مدیریت تحصیلات تکمیلی، اداره آموزش و کتابخانه مرکزی دانشگاه اصفهان، و با آرزوی توفیق الهی برای ایشان.

تقدیم به:

آنان که در راه حقیقت و انسانیت از جان خود گذشتند؛
تقدیم به ارواح پاک شهیدان،
و تقدیم به همه کسانی که سالک راه حقیقت و انسانیت اند.

چکیده

کمپلکس *Festuca-Lolium* به گروهی از آرایه های دارای خویشاوندی نزدیک در دودمان فستوکوئیدها گفته می شود که دربرگیرنده گونه هایی از دو جنس *Festuca* و *Lolium* است. اعضای این کمپلکس را گونه های برون زادگیر جنس *Lolium* و گونه های *Festuca* subgen *Schedonorus* تشکیل می دهند. در این تحقیق، با استفاده از صفات ریخت شناختی کمی، مارکرهای میکروساتلایت ژنومی و EST، و ترادف های نوکلئوتیدی نواحی ژنی ITS₂, trnL-F, trnT-L به مطالعه ۶ گونه متعلق به این کمپلکس در ایران پرداختیم.

تعداد ۸۶ صفت کمی بررسی گردید و دامنه تغییرات صفت ها در هر گونه و میانگین آنها برای هر یک به دست آمد. صفت های بدون تغییر، و صفت هایی که کمترین و بیشترین میزان تنوع را در هر گونه نشان دادند معرفی شدند. تحلیل فنتیک با استفاده از صفات ریخت شناختی کمی نشان داد که گونه درون زادگیر *L. persicum* قرابت کمتری با سایر گونه ها داشته و نمونه های مختلف گونه *F. arundinacea* نیز در دو خوشه مجزا قرار می گیرند. مطالعه روابط خویشاوندی گونه ها، ساختار ژنتیکی جمعیت در *Festuca arundinacea*، تنوع ژنتیکی گونه ها، و انتقال پذیری مارکرها به *Lolium persicum* با استفاده از مارکرهای ملکولی میکروساتلایت ژنومی و EST صورت گرفت. از جمله نتایج این بخش از تحقیق می توان به جدایی ژنتیکی جمعیت خلخال از گونه *L. persicum*، وجود دو خوشه اصلی جمعیت های شمالی و جنوبی برای *L. rigidum*، وجود یک ساختار ژنتیکی جمعیت برای *F. arundinacea* (F_{ST}=0.3) و تعیین میزان انتقال پذیری ۳۲ مارکر SSR و EST-SSR به *L. persicum* اشاره نمود.

ترادف نوکلئوتیدی سه ناحیه ژنی در ژنوم هسته و کلروپلاست از تعدادی از گونه ها (نمونه های ایرانی) در آنالیز فیلوژنتیک استفاده گردید. نتایج آنالیز فیلوژنتیک موقعیت حد واسط *Festuca subgenera Drymenthele & Leucopoa* را بین دو خوشه اصلی حامل *Festuca-Lolium* و *Festuca-Vulpia* نشان داد. نتایج این بخش از تحقیق طبقه بندی آرایه شده توسط الکسیو را در برابر نظر قبلی آرایه شده توسط Bor در فلورا ایرانیکا مورد حمایت قرار داده و انتقال *Leucopoa sclerophylla* به *Festuca* subgen *Leucopoa* را تایید می کند. همچنین نتایج آنالیز فیلوژنتیک از انتقال اخیر آرایه *Festuca gigantea* از *Festuca* subgen *Drymenthele* به *Festuca* subgen *Schedonorus* sect *Plantinia* حمایت می کند.

واژگان کلیدی: کمپلکس فستوکا لولیوم، فیلوژنی، تحلیل فنتیک، فیلوژنی، تنوع ژنتیکی، ساختار ژنتیک جمعیت

فهرست مطالب

صفحه	عنوان
۱.....	فصل اول: مقدمه.....
۱-۱.....	۱-۱- خانواده POACEAE.....
۲-۱.....	۲-۱- طبقه بندی در خانواده POACEAE.....
۳-۱.....	۳-۱- قبیله POEAE.....
۴-۱.....	۴-۱- فستوکوئیدها.....
۵-۱.....	۵-۱- منشا فستوکوئیدها.....
۶-۱.....	۶-۱- کمپلکس <i>FESTUCA-LOLIUM</i>
۷-۱.....	۷-۱- کمپلکس <i>FESTUCA - LOLIUM</i> در ایران.....
۸-۱.....	۸-۱- تحلیل داده های چند متغیره در سیستماتیک گیاهی.....
۸-۱-۱.....	۸-۱-۱- تحلیل خوشه ای.....
۸-۱-۲.....	۸-۱-۲- آردیناسیون.....
۸-۱-۳.....	۸-۱-۳- آماره F (F-Statistics).....
۸-۱-۴.....	۸-۱-۴- آنالیز ژنتیک جمعیت.....
۸-۱-۵.....	۸-۱-۵- آنالیز بایسین (Bayesian).....
۸-۱-۶.....	۸-۱-۶- آنالیز واریانس ملکولی (AMOVA).....
۸-۱-۷.....	۸-۱-۷- روش خوشه بندی k-means.....
۸-۱-۸.....	۸-۱-۸- آنالیز توام فاصله ژنتیکی و مختصات جغرافیایی.....
۹-۱.....	۹-۱- اهداف این تحقیق.....
۱۰-۱.....	۱۰-۱- مواد و روش ها.....
۲۷.....	فصل دوم: تاکسونومی و ریخت شناسی.....
۲۷-۱.....	۲۷-۱- مقدمه.....
۲۸.....	ریخت شناسی خانواده Poaceae.....
۲۹.....	ریخت شناسی قبیله Poeae.....
۳۰.....	کلید شناسایی جنس ها در قبیله Poeae.....
۳۱.....	خطوط تکاملی قبیله Poeae.....
۳۲-۲.....	۲-۲- جنس <i>FESTUCA</i>
۳۴.....	ریخت شناسی جنس <i>Festuca</i>
۳۵.....	تاکسونومی جنس <i>Festuca</i>
۳۹.....	کلید شناسایی گونه های جنس <i>Festuca</i>
۴۱.....	گونه <i>Festuca arundinacea</i>
۴۲.....	کلید شناسایی زیر گونه ها.....
۴۳.....	گونه <i>Festuca pratensis</i>

۴۴	گونه <i>Festuca gigantea</i>	۴۴
۴۴	گونه <i>Festuca sclerophylla</i>	۴۴
۴۵	جنس <i>LOLIUM</i>	۴۵
۴۶	تاکسونومی جنس <i>Lolium</i>	۴۶
۴۸	کلید شناسایی گونه های جنس <i>Lolium</i> در ایران.....	۴۸
۵۰	گونه <i>Lolium perenne</i>	۵۰
۵۱	گونه <i>Lolium multiflorum</i>	۵۱
۵۱	گونه <i>Lolium temulentum</i>	۵۱
۵۲	گونه <i>Lolium persicum</i>	۵۲
۵۳	گونه <i>Lolium rigidum</i>	۵۳
۵۳	۴-۲-اهداف بخش ریخت شناسی.....	۵۳
۵۴	۵-۲-مواد و روش ها.....	۵۴
۵۷	۶-۲-نتایج و بحث.....	۵۷
۵۷	۱-۶-۲-تنوعات ریخت شناختی در هر گونه بر اساس صفات کمی.....	۵۷
۸۲	۲-۶-۲-مقایسه بین گونه ها بر اساس صفات ریخت شناختی کمی.....	۸۲
۸۷	۳-۶-۲-تحلیل فنتیک.....	۸۷
۹۳	فصل سوم: مارکرهای ملکولی میکروساتلایت.....	۹۳
۹۳	۱-۳-مقدمه.....	۹۳
۹۴	۱-۱-۳-کاربرد داده های ملکولی در سیستماتیک گیاهی.....	۹۴
۹۶	۲-۱-۳-انواع مارکرهای ملکولی.....	۹۶
۹۷	۳-۱-۳-مارکرهای ملکولی میکروساتلایت.....	۹۷
۹۹	۴-۱-۳-مارکرهای EST-SSR.....	۹۹
۱۰۱	۵-۱-۳-مطالعه جمعیت ها به عنوان واحد های تکاملی.....	۱۰۱
۱۰۴	۶-۱-۳-مرور منابع.....	۱۰۴
۱۰۵	۷-۱-۳-اهداف فصل سوم.....	۱۰۵
۱۰۷	۲-۳-مواد و روش ها.....	۱۰۷
۱۰۷	۱-۲-۳-مواد گیاهی.....	۱۰۷
۱۰۷	نمونه های گیاهی مورد مطالعه از گونه <i>Festuca arundinacea</i>	۱۰۷
۱۰۹	نمونه های گیاهی مورد مطالعه از گونه <i>Festuca pratensis</i>	۱۰۹
۱۱۱	نمونه های گیاهی مورد مطالعه از گونه <i>Lolium persicum</i>	۱۱۱
۱۱۳	نمونه های گیاهی مورد مطالعه از گونه <i>Lolium rigidum</i>	۱۱۳
۱۱۵	نمونه های گیاهی منتخب در بخش مطالعه روابط خویشاوندی در کمپلکس <i>Festuca-Lolium</i>	۱۱۵
۱۱۸	۲-۲-۳-استخراج DNA.....	۱۱۸
۱۱۹	۳-۲-۳-نشانه های میکروساتلایت.....	۱۱۹

۱۲۰	۳-۲-۴- واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR)	۱۲۰
۱۲۱	۳-۲-۵- تفکیک و آشکار سازی محصولات PCR	۱۲۱
۱۲۲	۳-۲-۶- نمره دهی باندها	۱۲۲
۱۲۲	۳-۲-۷- تحلیل داده ها	۱۲۲
۱۲۴	۳-۳- نتایج و بحث	۱۲۴
۱۲۴	۳-۱- ساختار جمعیت و تنوع ژنتیکی در <i>Festuca arundinacea</i>	۱۲۴
۱۲۸	آماره های توصیفی مربوط به مارکرها و جمعیت ها	۱۲۸
۱۳۱	تحلیل خوشه ای	۱۳۱
۱۳۳	آنالیز مختصات اصلی	۱۳۳
۱۳۵	آنالیز بایسین	۱۳۵
۱۳۶	آنالیز AMOVA	۱۳۶
۱۳۷	آنالیز توام فواصل ژنتیکی و جغرافیایی	۱۳۷
۱۳۹	تنوع ژنتیکی مارکرهای SSR و EST-SSR در نمونه های بومی فستوکای بلند در ایران	۱۳۹
۱۴۰	تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت های <i>F. arundinacea</i> در ایران	۱۴۰
۱۴۳	۳-۲- تنوع ژنتیکی در <i>Festuca pratensis</i>	۱۴۳
۱۴۶	آماره های توصیفی مربوط به مارکرها و جمعیت ها	۱۴۶
۱۴۹	تحلیل خوشه ای	۱۴۹
۱۵۱	آنالیز مختصات اصلی	۱۵۱
۱۵۴	۳-۳- انتقال پذیری مارکرهای SSR, EST-SSR به <i>Lolium persicum</i>	۱۵۴
۱۵۵	مارکرهای ملکولی میکروساتلایت	۱۵۵
۱۵۸	تحلیل های خوشه ای و مختصات اصلی	۱۵۸
۱۶۳	۳-۴- تنوع ژنتیکی در <i>Lolium rigidum</i>	۱۶۳
۱۶۶	آماره های توصیفی مربوط به مارکرها و جمعیت ها	۱۶۶
۱۶۹	تحلیل های خوشه ای و مختصات اصلی	۱۶۹
۱۷۵	۳-۵- روابط خویشاوندی در کمپلکس <i>Festuca - Lolium</i> در ایران	۱۷۵
۱۷۹	مارکرهای ملکولی میکروساتلایت	۱۷۹
۱۸۱	آنالیز خوشه ای و آنالیز مختصات اصلی	۱۸۱
۱۸۵	آنالیز اکتشافی داده ها	۱۸۵
۱۸۸	آنالیز پارسیمونی	۱۸۸
۱۹۲	فصل چهارم: ترادف های نوکلئوتیدی	۱۹۲
۱۹۲	۴-۱- مقدمه	۱۹۲
۱۹۲	۴-۱-۱- کاربرد ترادف های نوکلئوتیدی	۱۹۲
۱۹۵	۴-۱-۲- آنالیز NJ	۱۹۵
۱۹۶	۴-۱-۳- اهداف این فصل	۱۹۶

۱۹۶	۲-۴- مواد و روش ها.....	۱۹۶
۱۹۶	۱-۲-۴- ترادف نوکلئوتیدی نمونه های گیاهی	۲۰۰
۲۰۰	۲-۲-۴- واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR)	۲۰۱
۲۰۱	۳-۲-۴- واکنش زنجیره ای پلیمرز ردیف خوانی (Sequencing PCR)	۲۰۲
۲۰۲	۴-۲-۴- تصحیح کروماتوگرام ها، همترازی نوکلئوتید ها	۲۰۲
۲۰۲	۵-۲-۴- آنالیز NJ	۲۰۳
۲۰۳	۳-۳- نتایج و بحث	۲۰۳
۲۰۳	۱-۳-۴- تبارنمای ITS	۲۰۵
۲۰۵	۲-۳-۴- تبارنمای trnL-F	۲۰۷
۲۰۷	۳-۳-۴- تبارنمای trnT-L	۲۰۹
۲۰۹	۴-۳-۴- نتیجه گیری کلی	۲۱۱
۲۱۱	فصل پنجم: نتیجه گیری	۲۱۱
۲۱۱	۱-۵- مقدمه	۲۱۲
۲۱۲	۲-۵- مواد و روش ها	۲۱۲
۲۱۲	۳-۵- نتایج کلی و بحث	۲۱۷
۲۱۷	۴-۵- پیشنهادات	۲۱۹
۲۱۹	فصل ششم: پیوست	۲۱۹
۲۱۹	۱-۶- نمونه های گیاهی	۲۱۹
۲۱۹	۱-۱-۶- مسافرت های انجام شده جهت جمع آوری نمونه گیاهی	۲۲۰
۲۲۰	۲-۱-۶- نمونه برداری با استفاده از سیلیکاژل	۲۲۲
۲۲۲	۳-۱-۶- نمونه های گیاهی جمع آوری شده	۲۲۶
۲۲۶	۴-۱-۶- نمونه های هرباریومی	۲۲۸
۲۲۸	۵-۱-۶- ماتریس مقادیر صفات ریخت شناختی کمی	۲۳۳
۲۳۳	۲-۶- استخراج DNA	۲۳۳
۲۳۳	۱-۲-۶- محلول های لازم برای تهیه بافر استخراج	۲۳۳
۲۳۳	بافر 0.5M EDTA pH 8.0	۲۳۳
۲۳۳	بافر 1M TRIS	۲۳۳
۲۳۳	محلول 5M NaCl	۲۳۴
۲۳۴	بافر استخراج	۲۳۴
۲۳۴	دستورالعمل تهیه مقادیرمختلف بافر استخراج	۲۳۴
۲۳۴	۲-۲-۶- استخراج DNA با روش CTAB	۲۳۶
۲۳۶	۳-۲-۶- تعیین کیفیت DNA	۲۳۶
۲۳۶	۴-۲-۶- تهیه بافر 50X TAE	

۲۳۶	۵-۲-۶- الکتروفورز ژل آگارز	۲۳۶
۲۳۷	۶-۲-۶- بافر 10X TAE	۲۳۷
۲۳۷	۷-۲-۶- تعیین کمیت DNA	۲۳۷
۲۳۸	۸-۲-۶- رقیق سازی نمونه های DNA استخراج شده	۲۳۸
۲۳۸	۹-۲-۶- برنامه کامپیوتری DNADILUTE	۲۳۸
۲۳۹	۱۰-۲-۶- رقیق سازی پرایمرها	۲۳۹
۲۴۰	۳-۳-۶- نشانگرهای میکروساتلایت	۲۴۰
۲۴۰	۱-۳-۶- نشانگرهای مورد استفاده در مطالعه مارکرهای ملکولی	۲۴۰
۲۴۱	۲-۳-۶- عملکرد منسوب به ژن متناظر با نشانگرهای EST در جدول پرایمرها	۲۴۱
۲۴۲	۴-۶- واکنش PCR	۲۴۲
۲۴۳	۵-۵-۶- الکتروفورز ژل اکریل آمید و رنگ آمیزی نقره (SILVER STAINING)	۲۴۳
۲۴۳	۱-۵-۶- محلول اکریل آمید ۴۰ درصد (۱۰۰۰ میلی لیتر)	۲۴۳
۲۴۳	۲-۵-۶- محلول اکریل آمید ۶ درصد (۱۰۰۰ میلی لیتر)	۲۴۳
۲۴۳	۳-۵-۶- بافر 5X TBE (۲۰۰۰ میلی لیتر)	۲۴۳
۲۴۴	۴-۵-۶- بافر 1X TBE (۱۱۰۰ میلی لیتر)	۲۴۴
۲۴۴	۵-۵-۶- آمونیوم پرسولفات (APS)	۲۴۴
۲۴۴	۶-۵-۶- محلول Developer	۲۴۴
۲۴۴	۷-۵-۶- محلول Fixer	۲۴۴
۲۴۴	۸-۵-۶- محلول Stainer	۲۴۴
۲۴۴	۹-۵-۶- ژل اکریل آمید (۷۰ میلی لیتر)	۲۴۴
۲۴۴	۱۰-۵-۶- رنگ Formamide (Dye) (۵۰ میلی لیتر)	۲۴۴
۲۴۵	۱۱-۵-۶- الکتروفورز ژل اکریل آمید واسرشته ساز (denaturing gel)	۲۴۵
۲۴۵	۱۲-۵-۶- رنگ آمیزی نقره	۲۴۵
۲۴۶	۶-۶- ماتریس های ضرایب شباهت DICE	۲۴۶
۲۴۶	۱-۶-۶- ماتریس ضرایب شباهت DICE برای ۴۶ نمونه <i>Festuca arundinacea</i> (فصل سوم)	۲۴۶
۲۴۸	۲-۶-۶- ماتریس ضرایب شباهت DICE برای ۱۳ نمونه <i>Festuca pratensis</i> (فصل سوم)	۲۴۸
۲۴۹	۳-۶-۶- ماتریس ضرایب شباهت DICE برای ۱۵ نمونه <i>Lolium persicum</i> (فصل سوم)	۲۴۹
۲۴۹	۴-۶-۶- ماتریس ضرایب شباهت DICE برای ۳۳ نمونه <i>Lolium rigidum</i> (فصل سوم)	۲۴۹
۲۵۰	۵-۶-۶- ماتریس ضرایب شباهت DICE برای ۶۶ نمونه از <i>Festuca-Lolium</i> (فصل سوم)	۲۵۰
۲۵۵	۷-۶-۶- ترادف نواحی ژنی ITS, TRNL-F, TRNT-L نمونه ها (فصل چهارم)	۲۵۵
۲۶۱	منابع و مآخذ	۲۶۱

فهرست جدول ها

عنوان	صفحه
شکل ۱-۱: نحوه محاسبه ضرایب شباهت با استفاده از داده های باندهای مشترک	۱۴
شکل ۲-۱: محاسبه G_{ST} به عنوان آنالوگ F_{ST} (Nei, 1973).	۲۲
شکل ۱-۲: استاندارد سازی دامنه تغییرات صفت ها با تقسیم دامنه تغییرات هر صفت بر میانگین آن	۵۵
شکل ۲-۲: تصویر نمونه هرباریومی از گونه <i>Festuca arundinacea</i> Schreb.	۷۶
شکل ۳-۲: تصویر نمونه هرباریومی از گونه <i>Festuca pratensis</i> Huds.	۷۷
شکل ۴-۲: تصویر نمونه هرباریومی از گونه <i>Lolium multiflorum</i> Lam.	۷۸
شکل ۵-۲: تصویر نمونه هرباریومی از گونه <i>Lolium perenne</i> L.	۷۹
شکل ۶-۲: تصویر نمونه هرباریومی از گونه <i>Lolium persicum</i> Boiss. & Hohen. ex Boiss.	۸۰
شکل ۷-۲: تصویر نمونه هرباریومی از گونه <i>Lolium rigidum</i> Gaud.	۸۱
شکل ۸-۲: تصویر مقطع عرضی برگ در گونه های منسوب به کمپلکس <i>Festuca-Lolium</i> در ایران	۸۳
شکل ۹-۲: تصویر پوشه ها در گونه های منسوب به کمپلکس <i>Festuca-Lolium</i> در ایران	۸۴
شکل ۱۰-۲: تصویر برش عرضی پوشه ها در گونه های منسوب به کمپلکس <i>Festuca-Lolium</i> در ایران	۸۵
شکل ۱۱-۲: تصویر بخش های زایشی اولین گلچه زایا در سنبلک گونه های کمپلکس <i>Festuca-Lolium</i> در ایران	۸۶
شکل ۱۲-۲: فرمول ضریب فاصله/شباهت Cosin.	۸۷
شکل ۱۳-۲: فنوگرام حاصل از آنالیز فنتیک نمونه های منتخب از اعضای کمپلکس <i>Festuca-Lolium</i> در ایران. نمونه ها عبارتند از: Fa= <i>F. arundinacea</i> , Fp= <i>F. pratensis</i> , Lmult= <i>L. multiflorum</i> , Lpere= <i>L. perenne</i> , Lpers= <i>L. persicum</i> , Lrigi= <i>L. rigidum</i> . مکان های جمع آوری عبارتند از Ham: همدان، Sis: سی سخت، Krm: کرمان، Sab: سبلان، Esf: اصفهان، Arz: ارزن، Azb: آذربایجان- سبلان، Jav: جواهرده، Msh: چشمه میشی، Krj: کرج، Khl: خلخال، Neg: نگارمن، Frz: فیروزکوه.	۸۹
شکل ۱۴-۲: آنالیز کوفنتیک ماتریس فاصله COSIN و ماتریس فواصل Ultrametric حاصل از آنالیز UPGMA	۹۰
شکل ۱۵-۲: آنالیز مختصات اصلی ماتریس صفات ریخت شناختی کمی در نرم افزار NTSYS-pc	۹۱
شکل ۱-۳: نقشه ایران نشان دهنده موقعیت جغرافیایی ۹ جمعیت <i>F. arundinacea</i> در برگیرنده ۴۶ ژنوتیپ مورد مطالعه.	۱۰۸
شکل ۲-۳ (a): نقشه پراکنش نمونه های <i>Festuca pratensis</i> در اروپا و آسیا، بر گرفته از (Fjellheim et al., 2006) نشان دهنده اهمیت ناحیه قفقاز به عنوان یکی از پناهگاه های بالقوه برای جمعیت های شرقی گونه فستوکای مرتعی در دوره یخبندان.	۱۱۰
شکل ۲-۳ (b): نقشه ایران، نشان دهنده موقعیت جغرافیایی نمونه های گیاهی <i>F. pratensis</i> نمونه برداری شده برای آنالیز تنوع ژنتیکی.	۱۱۱
شکل ۳-۳: نقشه ایران نشان دهنده موقعیت جغرافیایی نمونه های <i>L. persicum</i> جمع آوری شده از جمعیت های طبیعی در ایران.	۱۱۳
شکل ۴-۳: نقشه ایران نشان دهنده موقعیت جغرافیایی جمعیت های دربرگیرنده ۳۳ نمونه <i>L. rigidum</i> مورد مطالعه.	۱۱۵

- شکل ۳-۵: نقشه ایران نشان دهنده موقعیت جغرافیایی جمعیت های ۶۶ نمونه متعلق به ۶ گونه از جنس های *Lolium* و *Festuca* استفاده شده در آنالیز فیلوژنتیک..... ۱۱۸
- شکل ۳-۶: برنامه دستگاه ترموسایکلر (PCR) برای انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز برای مارکرهای ملکولی SSR ژنومی برگرفته از (Lauvergeat et al., 2005) با اندکی تغییر..... ۱۲۱
- شکل ۳-۷: برنامه دستگاه ترموسایکلر (PCR) برای انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز برای مارکرهای ملکولی -EST SSR: AnnealTemp: دمای آنیلینگ که برای هر جفت پرایمر متغیر و با ارجاع به متمم الکترونیک مقاله اصلی (Saha et al., 2004) تعیین گردید..... ۱۲۱
- شکل ۳-۸: تبارنمای بدون ریشه حاصل از خوشه بندی با فاصله ژنتیکی (Nei, Li (1979) میان ۴۶ نمونه *F. arundinacea* با استفاده از روش Minimum Evolution (Tamura et al., 2007)..... ۱۳۲
- شکل ۳-۹: تبارنمای حاصل از خوشه بندی با فاصله ژنتیکی (Nei, Li (1979) میان ۴۶ نمونه *F. arundinacea* با استفاده از روش Minimum Evolution (Tamura et al., 2007) ریشه دار شده در نقطه وسط (midpoint) که نشان دهنده وجود سه خوشه اصلی (با احتساب جمعیت Gol به عنوان زیرخوشه ای از جمعیت Gnj-Tuy) می باشد..... ۱۳۳
- شکل ۳-۱۰: پلات سه بعدی حاصل از آنالیز مختصات اصلی (PCO) ۴۶ نمونه از *F. arundinacea* با استفاده از ضریب DICE در NTSYS-pc..... ۱۳۴
- شکل ۳-۱۱: عضویت (مقادیر ماتریس Q) ۴۶ نمونه *F. arundinacea* در چهار گروه جمعیتی بدست آمده از آنالیز بایسین. نمودارهای ستونی نشان دهنده عضویت ۴۶ فرد در هر یک از چهار خوشه استنباط شده با (k=4) می باشند. در شکل، افراد بر حسب مقادیر ماتریس Q مرتب شده و اعداد درون پرانتز کد هر یک از جمعیت ها (۱: Gnj، ۲: Sem، ۳: Sab، ۴: Sis، ۵: Msh، ۶: Arz، ۷: Baf، ۸: Tuy، ۹: Gol) می باشند..... ۱۳۶
- شکل ۳-۱۲: عضویت (مقادیر ماتریس Q) ۹ جمعیت از پیش تعریف شده (predefined) شامل ۴۶ نمونه *F. arundinacea*. نمودارهای ستونی نشان دهنده عضویت جمعیت ها در هر یک از چهار (k=4) خوشه استنباط شده (جمعیت های ژنتیکی) می باشند. اعداد بالای نمودار اندازه هر جمعیت را نشان می دهند..... ۱۳۶
- شکل ۳-۱۳: پلات حاصل از آنالیز توام فواصل ژنتیکی و جغرافیایی نمونه های گونه *F. arundinacea* در ایران (جدول). (A): تعیین موقعیت مکانی جمعیت ها (مختصات جغرافیایی) و فواصل مستقیم جمعیت ها نسبت به هم. (B): ترسیم شبکه اتصال جمعیت ها به هم با الگوریتم connectivity network (C): ترسیم Landscape Shape Plot که به طور کاملاً مشخص نشان دهنده اهمیت دو ناحیه جغرافیایی در شمال غرب و جنوب غرب ایران می باشد..... ۱۳۸
- شکل ۳-۱۴: تبار نمای بدون ریشه حاصل از آنالیز خوشه بندی نمونه های *F. pratensis* با روش خوشه بندی ME (Minimum Evolutionary) و ضریب Dice..... ۱۵۱
- شکل ۳-۱۶: پلات سه بعدی حاصل از آنالیز مختصات اصلی (PCO) نمونه های *F. pratensis* با ضریب Dice..... ۱۵۲
- شکل ۳-۱۷: خوشه بندی ۱۵ نمونه *L. persicum* جمع آوری شده از ۵ جمعیت از نقاط مختلف ایران، با استفاده از ضریب Dice و خوشه بندی Minimum Evolutionary Method. سه خوشه اصلی با تفکیک کم عبارتند از جمعیت های جنوبی، شمالی و شمال غربی. در خوشه جمعیت های جنوبی، نمونه های منسوب به دنا بخوبی از سایر نمونه ها تفکیک شده اند..... ۱۵۹

- شکل ۳-۱۸: پلات سه بعدی مکان نگاری ۱۵ نمونه *L. persicum* روی سه محور اول حاصل از آنالیز مختصات اصلی با استفاده از ضریب Dice. جمعیت های شمالی N و NW که در آنالیز خوشه ای با تفکیک کم کنار هم قرار گرفته اند، در آنالیز مختصات اصلی به وضوح از هم تفکیک شده اند. ۱۶۱
- شکل ۳-۱۹: خوشه بندی ۱۵ نمونه *L. persicum* جمع آوری شده از ۵ جمعیت از نقاط مختلف ایران، با استفاده از روش آنالیز اکتشافی داده ها. پلات سه بعدی خوشه ها ($k=4$)، محل خوشه ها بر اساس آنالیز MDS و خصوصیات داخلی خوشه ها از طریق میزان شباهت داخلی و واریانس داخلی آنها تعیین می گردد. ۱۶۲
- شکل ۳-۲۰: خوشه بندی ۱۵ نمونه *L. persicum* جمع آوری شده از ۵ جمعیت از نقاط مختلف ایران، با استفاده از روش آنالیز اکتشافی داده ها. آنالیز پلات دوطرفه (Biplot) که علاوه بر خوشه بندی نمونه ها، توزیع مناسب صفات مورد استفاده (داده های ۰ و ۱) را در خوشه بندی حاصله نشان می دهد. ۱۶۲
- شکل ۳-۲۱: نقشه حوزه مدیریتانه، نشان دهنده مهاجرت کشاورزان نخستین از خاورمیانه به اروپا از مسیر دانوب، مسیر مدیریتانه ای و مسیر شمال آفریقایی در ۱۰ هزار سال پیش. برگرفته از: (Balfourier et al., 2000). ۱۶۵
- شکل ۳-۲۲: تبارنمای ریشه دار شده در نقطه وسط (midpoint) حاصل از آنالیز خوشه بندی ۳۳ نمونه *L. rigidum* از نقاط مختلف ایران با استفاده از ضریب Dice و روش خوشه بندی (ME (=Minimum Evolution)). ۱۷۱
- شکل ۳-۲۳: تبارنمای بدون ریشه (unrooted) حاصل از آنالیز (=Neighbour Joining) NJ ۳۳ نمونه از *L. rigidum*، جمع طول انشعابات روی دندروگرام برابر با ۳۳۱۸ است. ۱۷۲
- شکل ۳-۲۴: پلات سه بعدی حاصل از آنالیز مختصات اصلی (PCO) ۳۳ نمونه *L. rigidum* با استفاده از ضریب Dice. ۱۷۳
- شکل ۳-۲۵: دندروگرام حاصل از آنالیز نمونه های متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از صفات ریخت شناختی پس از حذف صفات مرتبط با گل آذین، برگرفته از (Bulinska-Radomska and Lester, 1988). ۱۷۶
- شکل ۳-۲۶: دندروگرام حاصل از آنالیز نمونه های متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از مارکرهای ملکولی RAPD، برگرفته از (Stammers et al., 1995). ۱۷۷
- شکل ۳-۲۷: دندروگرام حاصل از آنالیز نمونه های متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از مارکرهای ملکولی EST-SSR، برگرفته از (Mian et al., 2005). ۱۷۸
- شکل ۳-۲۸: تبارنمای بدون ریشه حاصل از تحلیل خوشه بندی ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از ضریب DICE و روش خوشه بندی ME. ۱۸۲
- شکل ۳-۲۹: تبارنمای ریشه دار شده در نقطه وسط (midpoint rooted) حاصل از آنالیز خوشه بندی ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از ضریب DICE و روش خوشه بندی ME. ۱۸۳
- شکل ۳-۳۰: گراف حاصل از آنالیز مختصات اصلی (PCO) ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از ضریب DICE. ۱۸۴
- شکل ۳-۳۱: آنالیز Cluster visualization - Solution03 (K=5) که با استفاده از ضریب شباهت Cosine، روش خوشه بندی Direct و معیار خوشه بندی E1 برای ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* صورت گرفته است. ۱۸۶
- شکل ۳-۳۲: آنالیز Cluster visualization - Solution10 (K=7) که با استفاده از ضریب شباهت Cosine، روش خوشه بندی Repeated Bisection و معیار خوشه بندی I2 برای ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* صورت گرفته است. ۱۸۷

- شکل ۳-۳۳: آنالیز Cluster visualization - Solution12 (K=7) که با استفاده از ضریب شباهت Cosine، روش خوشه بندی Direct و معیار خوشه بندی E1 برای ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* صورت گرفته است. ۱۸۸
- شکل ۳-۳۴: تبارنمای حاصل از آنالیز فیلوژنتیک ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با معیار پارسیمونی. ۱۸۹
- شکل ۴-۱ برنامه دستگاه PCR (ترموسایکلر) برای تکثیر ناحیه ITS ۲۰۰
- شکل ۴-۲ برنامه دستگاه PCR (ترموسایکلر) برای تکثیر ناحیه های trnL-F, trnT-L ۲۰۱
- شکل ۴-۳ تبارنمای فیلوژنتیک حاصل از ترادف های ITS نمونه های متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از روش NJ و بوت استرپ ۱۰۰۰۰ بار تکرار. ۲۰۴
- شکل ۴-۴ تبارنمای فیلوژنتیک حاصل از ترادف های trnL-F نمونه های متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از روش NJ و بوت استرپ ۱۰۰۰۰ بار تکرار. ۲۰۶
- شکل ۴-۵ تبارنمای فیلوژنتیک حاصل از ترادف های trnT-L نمونه های متعلق به گروه *Festuca-Lolium* با استفاده از روش NJ و بوت استرپ ۱۰۰۰۰ بار تکرار. ۲۰۸

فهرست جدول ها

صفحه

عنوان

- جدول ۱-۱- زیرخانواده های خانواده Poaceae (Mathews et al., 2000) ۳
- جدول ۲-۱- موقعیت زیر قبيله Poineae در خانواده Poaceae ۴
- جدول ۳-۱- جنس های متعلق به قبيله Poeae و تعداد گونه های آنها در فلورا ایرانیکا (Bor, 1970) ۵
- جدول ۴-۱: برخی از آماره های توصیفی (descriptive statistics) قابل محاسبه در ژنتیک جمعیت ها، که با استفاده از مارکرهای ملکولی دامیننت می توان آنها را محاسبه نمود. ۱۵
- جدول ۱-۲- کلید شناسایی جنس های قبيله (=Festuceae) Poeae در ایران (Bor, 1970) ۳۰
- جدول ۲-۲- خطوط تکاملی اصلی (معادل زیرقبيله ها) در قبيله Poeae ۳۲
- جدول ۳-۲- محدوده تاکسونومیک زیرقبيله Loliinae بر اساس نظر Clayton & Renevoize (1986) و Holub (1998) ۳۳
- جدول ۴-۲- طبقه بندی و محدوده تاکسونومیک جنس *Festuca* و خویشاوندان نزدیک آن (نظریات مختلف) ۳۷
- جدول ۵-۲- کلید شناسایی گونه های جنس *Festuca* در فلورا ایرانیکا (Bor, 1970) ۴۰
- جدول ۶-۲- کلید شناسایی گونه های جنس *Festuca* در فلور عراق (Bor, 1968) ۴۱
- جدول ۷-۲- کلید شناسایی زیرگونه های گونه *F. arundinacea* در فلور چین و فلور اروپا (Markgraf- Dannenberg, 1980) ۴۲
- جدول ۸-۲- کلید شناسایی گونه های جنس *Lolium* در فلورا ایرانیکا (Bor, 1970) ۴۸
- جدول ۹-۲- کلید شناسایی گونه های جنس *Lolium* در فلور عراق (Bor, 1968) ۴۹
- جدول ۱۰-۲- کلید شناسایی گونه های جنس *Lolium* از فلور ترکیه (Davis et al., 2000) ۴۹
- جدول ۱۱-۲- صفات مورد بررسی در بخش مطالعه ریخت شناسی ۵۵
- جدول ۱۲-۲- حداقل، حداکثر و میانگین صفات کمی مورد مطالعه در گونه *Festuca arundinacea* Schreb. ۵۸
- جدول ۱۳-۲- صفات ریخت شناختی کمی، دارای کمترین و بیشترین تنوع در گونه *Festuca arundinacea* ۶۰
- جدول ۱۴-۲- حداقل، حداکثر و میانگین صفات کمی مورد مطالعه در گونه *Festuca pratensis* Huds. ۶۱
- جدول ۱۵-۲- صفات ریخت شناختی کمی، دارای کمترین و بیشترین تنوع در گونه *Festuca pratensis* ۶۳
- جدول ۱۶-۲- حداقل، حداکثر و میانگین صفات کمی مورد مطالعه در گونه *Lolium multiflorum* Lam. ۶۴
- جدول ۱۷-۲- صفات ریخت شناختی کمی، دارای کمترین و بیشترین تنوع در گونه *Lolium multiflorum* ۶۶
- جدول ۱۸-۲- حداقل، حداکثر و میانگین صفات کمی مورد مطالعه در گونه *Lolium perenne* L. ۶۷
- جدول ۱۹-۲- صفات ریخت شناختی کمی، دارای کمترین و بیشترین تنوع در گونه *Lolium perenne* ۶۹
- جدول ۲۰-۲- حداقل، حداکثر و میانگین صفات کمی مورد مطالعه در گونه *Lolium persicum* Boiss. & Hohen. ex Boiss. ۷۰
- جدول ۲۱-۲- صفات ریخت شناختی کمی، دارای کمترین و بیشترین تنوع در گونه *Lolium persicum* ۷۲
- جدول ۲۲-۲- حداقل، حداکثر و میانگین صفات کمی مورد مطالعه در گونه *Lolium rigidum* Gaud. ۷۳
- جدول ۲۳-۲- صفات ریخت شناختی کمی، دارای کمترین و بیشترین تنوع در گونه *Lolium rigidum* ۷۵
- جدول ۲۴-۲- مقدار ویژه محورهای اول تا چهارم در آنالیز مختصات اصلی با صفات ریخت شناختی کمی ۹۱

- جدول ۱-۳: آدرس، ارتفاع، ناحیه و مختصات جغرافیایی ۴۶ نمونه جمعیتی *Festuca arundinacea* متعلق به ۹ جمعیت طبیعی این گونه در ایران..... ۱۰۸
- جدول ۲-۳: آدرس، ارتفاع، ناحیه و مختصات جغرافیایی ۱۳ نمونه گیاهی *Festuca pratensis* متعلق به ۵ جمعیت طبیعی در ایران..... ۱۰۹
- جدول ۳-۳: آدرس و ارتفاع ۱۵ نمونه گونه *Lolium persicum* متعلق به ۵ جمعیت طبیعی از ایران..... ۱۱۲
- جدول ۴-۳: آدرس، ارتفاع، نام جمعیت و مختصات جغرافیایی ۳۳ نمونه گیاهی متعلق به ۷ جمعیت *L. rigidum* از شمال، شمال غرب، جنوب و جنوب غرب ایران..... ۱۱۳
- جدول ۵-۳: کد نمونه، آدرس، ارتفاع و مختصات جغرافیایی ۶۶ نمونه (۶ گونه، ۲ جنس) مورد استفاده در آنالیز روابط خویشاوندی در گروه *Festuca-Lolium*..... ۱۱۶
- جدول ۶-۳: تعداد ۳۲ جفت پرایمر میکروساتلازیت ژنومی (Saha et al., 2004) و EST (Lauvergeat et al., 2005) مورد استفاده در این تحقیق، ترادف های تکرار شونده، اندازه باند مورد انتظار، دمای آنیلینگ (Ta) یا ذوب (Tm) هر پرایمر..... ۱۱۹
- جدول ۷-۳: اجزای واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) برای هر دسته از مارکرهای ژنومی و EST و غلظت آنها، برگرفته از منابع اصلی (Lauvergeat et al., 2005; Saha et al., 2004) با اندکی تغییر..... ۱۲۱
- جدول ۸-۳: پارامترهای پرموتیشن آنالیز بایسین (Falush et al., 2007) برای تعیین ساختار جمعیت در ۴۶ فرد متعلق به ۹ جمعیت *Festuca arundinacea*..... ۱۲۴
- جدول ۹-۳: اندیس های تنوع ملکولی (Yeh et al., 2000) در جمعیت های مورد مطالعه از *F. arundinacea* در ایران. P: تعداد لکوس های پلی مورفیک، HS: میانگین هتروزایگوسیتی مورد انتظار درون جمعیت ها (2p_{iqi}), h: میانگین تنوع ژنی (Nei (1973), I: میانگین ایندکس اطلاعات شانون..... ۱۲۸
- جدول ۱۰-۳: مقادیر PIC (=Polymorphic Information Content) و تعداد لکوس ها (نمره دهی لکوس ها بصورت دامیننت با مقادیر ۱ و ۰) برای ۱۲ مارکر میکروساتلازیت ژنومی (Lauvergeat et al., 2005) و ۲۰ مارکر میکروساتلازیت EST (Saha et al., 2004) مورد استفاده برای نمونه های *F. arundinacea*..... ۱۲۹
- جدول ۱۱-۳: مقادیر درصد تنوع بیان شده توسط محوره های ۱-۴ استخراج شده در آنالیز مختصات اصلی برای گونه *F. arundinacea*..... ۱۳۵
- جدول ۱۲-۳: آنالیز واریانس ملکولی (AMOVA) بر اساس ۲۲۰۲ باند SSR و EST-SSR ثبت شده برای ۴۶ نمونه جمعیتی فستوکای بلند. گروه های آنالیز شده گروه های استنباط شده (k=4) از آنالیز بایسین (شکل ۳-۷ و ۳-۸) هستند..... ۱۳۷
- جدول ۱۳-۳: آماره های توصیفی (تعداد و درصد لکوس های پلی مورفیک) مربوط به چهار گروه استنباط شده در آنالیز بایسین. Ht: میانگین هتروزایگوسیتی مورد انتظار در کل جمعیت (2pq), Gst: سهم تنوع ژنتیکی کل مربوط به تمایز یابی زیر جمعیت ها..... ۱۳۷
- جدول ۱۴-۳: مقادیر PIC و تعداد لکوس هر یک از مارکر های ملکولی میکروساتلازیت ژنومی (Saha et al., 2004) و EST (Lauvergeat et al., 2005) مورد استفاده برای *F. pratensis*..... ۱۴۷
- جدول ۱۵-۳: آماره های تنوع ملکولی و ژنتیک جمعیت و تعداد لکوس های پلی مورفیک و درصد آنها در هر یک از گروه های جمعیتی گونه *F. pratensis*. (۱) سبلان-بیزقوش، (۲) همدان (الوند)، (۳) سمیرم-چشمه میشی (دنا)..... ۱۴۹

- جدول ۳-۱۶: مقادیر درصد تنوع بیان شده توسط محورهای اول تا چهارم استخراج شده در آنالیز مختصات اصلی برای گونه *F. pratensis* ۱۵۲
- جدول ۳-۱۷: مقادیر PIC و تعداد لکوس هر یک از مارکرهای ملکولی میکروساتلایت ژنومی (Saha et al., 2004) و EST (Lauvergeat et al., 2005) مورد استفاده برای *L. persicum* ۱۵۵
- جدول ۳-۱۸: تعداد لکوس های پلی مورفیک و درصد آنها در هر جمعیت و گروه جمعیتی برای نمونه های *L. persicum* ۱۵۷
- جدول ۳-۱۹: مقادیر درصد تنوع بیان شده توسط محورهای ۱-۴ استخراج شده در آنالیز مختصات اصلی (PCO) برای گونه *L. persicum* ۱۵۹
- جدول ۳-۲۰: مقادیر PIC برای هریک از ۳۲ جفت پرایمر میکروساتلایت ژنومی و EST مطالعه شده برای ۳۳ نمونه *L. rigidum* ۱۶۶
- جدول ۳-۲۱: تعداد و درصد لکوس های پلی مورفیک، آماره های تنوع ملکولی مربوط به جمعیت های مورد مطالعه در گونه *L. rigidum* در ایران. جمعیت ها عبارتند از ۱: سیلان، ۲: ارومیه-کردستان، ۳: البرز شمالی، ۴: البرز جنوبی، ۵: کرمان، ۶: دنا، ۷: ارژن. P: تعداد لکوس های پلی مورفیک، h: میانگین تنوع ژنی (Nei (1973). ا: میانگین اندیس اطلاعات شانون..... ۱۶۸
- جدول ۳-۲۲: تعداد و درصد لکوس های پلی مورفیک، آماره های تنوع ملکولی مربوط به گروه های جمعیتی مورد مطالعه در گونه *L. rigidum* در ایران، با تقسیم جمعیت ها به دو گروه جمعیت های زاگرس (۱) و جمعیت های البرز (۲). P: تعداد لکوس های پلی مورفیک، HS: میانگین هتروزایگوسیتی مورد انتظار درون جمعیت ها (2piqi)، h: میانگین تنوع ژنی (Nei (1973)، ا: میانگین ایندکس اطلاعات شانون..... ۱۶۹
- جدول ۳-۲۳: مقادیر درصد تنوع بیان شده توسط محورهای ۱-۴ استخراج شده در آنالیز مختصات اصلی (PCO) برای ۳۳ نمونه از گونه *L. rigidum* ۱۷۴
- جدول ۳-۲۴: تعداد و درصد لکوس های پلی مورفیک و آماره های h و I به تفکیک گونه ها..... ۱۸۰
- جدول ۳-۲۵: مقادیر PIC مربوط به مارکرهای مورد استفاده در تحلیل روابط خویشاوندی گونه های *Lolium* و *Festuca* ۱۸۰
- جدول ۳-۲۶: مقادیر درصد تنوع بیان شده توسط محورهای ۱-۴ استخراج شده در آنالیز مختصات اصلی در مطالعه ۶۶ نمونه متعلق به گروه *Festuca-Lolium* ۱۸۵
- جدول ۴-۱: نمونه هایی که ترادف نوکلئوتیدی ناحیه ژنی ITS آنها مورد استفاده قرار گرفته اند..... ۱۹۷
- جدول ۴-۲: نمونه هایی که ترادف نوکلئوتیدی ناحیه ژنی trnL-F آنها مورد استفاده قرار گرفته اند..... ۱۹۸
- جدول ۴-۳: نمونه هایی که ترادف نوکلئوتیدی ناحیه ژنی trnT-L آنها مورد استفاده قرار گرفته اند..... ۱۹۹
- جدول ۴-۴: ترادف پرایمرهای مورد استفاده برای تکثیر نواحی ژنی ITS, trnL-F, trnT-L ۲۰۰
- جدول ۴-۵: اجزای واکنش PCR برای تکثیر ناحیه های ژنی ITS, trnLF, trnTL ۲۰۰
- جدول ۴-۶: اجزای واکنش PCR ردیف خوانی ۲۰۱

فصل اول: مقدمه

۱-۱- خانواده Poaceae

POACEAE (R. Br.) Barnh. (1895)

Syn.: GRAMINEAE A. L. De Jussieu, Gen Plant. 28 (1789).

قدیم ترین رکوردهای ثبت شده از دانه گرده گراس ها (گیاهان خانواده گندم، Poaceae) حضور آنها را در رسوبات پالئوسن (Paleocene) از جنوب آفریقا و آمریکای جنوبی نشان داده اند، رسوباتی که قدمتی ۵۵ تا ۶۰ میلیون ساله دارند (Jacobs et al., 1999). بنابراین، گراس ها پس از پایان دوران کرتاسه (Cretaceous) و انقراض های وسیعی که به ناپدید شدن دیناسورها منجر گردید، در اوایل ترشیاری (Tertiary) پدید آمده اند. سایر شواهد فسیلی یافت شده که با قدمت ۷۰ میلیون سال و مربوط به جنوب آفریقا و جنوب آمریکا هستند، به دلیل کیفیت نامناسب، مطمئن نیستند؛ لذا حضور گراس ها یا گروه های نیایی آنها در اواخر کرتاسه مشکوک قلمداد می شود.

خانواده Poaceae (R. Br.) Barnh., *nom. cons.* (=Gramineae Juss., *nom. cons. et nom. alt.*) با داشتن بیش از ۱۰ هزار گونه و ۷۰۰ جنس یکی از بزرگ ترین و مهم ترین خانواده های نهادانه است که از زمان بسیار قدیم و همراه با شروع تاریخ تمدن بشری همواره مورد توجه انسان قرار گرفته است (Clayton and Renvoize, 1986; Linder and Rudall, 2005). خانواده گندمیان مهم ترین خانواده گیاهی در تامین غذا برای انسان است. از میان ده غله نخست که انسان برای بقای خود (بطور مستقیم و یا بطور غیر مستقیم به عنوان علوفه دام) از آنها