

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



مبانی رده‌بندی تبارزادی

جان ولف گانگ وگل

ترجمه:

دکتر جمشید درویش

استاد دانشگاه فردوسی مشهد

دکتر فائزه یزدانی مقدم

عضو هیئت علمی دانشگاه فردوسی مشهد

دکتر بی بی صفیه اکبری راد

سرشناسه: عنوان و نام پدیدآور:	وگل، جان ولفگانگ مبانی رده‌بندی تبارزادی / جان ولفگانگ وگل؛ ترجمه جمشید درویش، فائزه یزدانی مقدم، صفیه اکبری‌راد؛ ویراستار علمی امید میرشمسی کاخکی؛ ویراستار ادبی هانیه اسدیپور فعال مشهد.
مشخصات نشر: مشخصات ظاهری: فروست: شاپک:	مشهد: دانشگاه فردوسی مشهد، انتشارات، ۱۴۰۱. ۵۵۲ ص: مصور، جدول. انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد؛ ۸۵۰.
وضعیت فهرست‌نویسی: یادداشت: یادداشت:	فیپا. عنوان اصلی: کتاب حاضر از متن انگلیسی با عنوان «Foundations of phylogenetic systematics» به فارسی برگردانده شده است.
یادداشت: موضوع:	کتابنامه: ص. ۵۲۵ - ۵۴۴. نمایه. تکامل انواع
شناسه افزوده: شناسه افزوده: شناسه افزوده: شناسه افزوده: رده‌بندی کنگره: رده‌بندی دیویی: شماره کتابشناسی ملی:	تکامل (زیست‌شناسی) درویش، جمشید، ۱۳۳۰ - مترجم یزدانی مقدم، فائزه، ۱۳۵۲ - مترجم اکبری‌راد، صفیه، ۱۳۶۰ - مترجم میرشمسی کاخکی، امید، ۱۳۵۳ - ویراستار دانشگاه فردوسی مشهد، انتشارات. QH۳۶۷/۵ ۵۹۱/۳۸ ۹۰۷۶۶۹۸
ISBN: 978-964-386-543-6	
Phylogeny Evolution (Biology)	

مبانی رده‌بندی تبارزادی

پدیدآورنده:	جان ولفگانگ وگل
ترجمه:	دکتر جمشید درویش؛ دکتر فائزه یزدانی مقدم؛ دکتر بی‌بی صفیه اکبری‌راد
ویراستار علمی:	دکتر امید میرشمسی کاخکی
ویراستار ادبی:	هانیه اسدیپور فعال مشهد
مشخصات:	وزیری، ۱۰۰ نسخه، چاپ اول، زمستان ۱۴۰۱
چاپ و صحافی:	چاپخانه دقت
بها:	۳/۰۰۰/۰۰۰ ریال
حق چاپ برای انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد محفوظ است.	



مراکز پخش:

فروشگاه و نمایشگاه کتاب پردیس: مشهد، میدان آزادی، دانشگاه فردوسی مشهد، جنب سلف یاس	تلفن: ۳۸۸۰۲۶۶۶ - ۳۸۸۳۳۷۲۷ (۰۵۱)
مؤسسه کتابیران: تهران، میدان انقلاب، خیابان کارگر جنوبی، بین روانمهر و وحید نظری، بن‌بست گشتاسب، پلاک ۸	تلفن: ۶۶۴۸۴۷۱۵ (۰۲۱)
مؤسسه دانشیران: تهران، خیابان انقلاب، خیابان منیری جاوید (اردیبهشت) نبش خیابان نظری، شماره ۱۴۲	تلفکس: ۶۶۴۰۰۲۲۰ - ۶۶۴۰۰۱۴۴ (۰۲۱)

<http://press.um.ac.ir>

Email: press@um.ac.ir

فهرست مطالب

۹	مقدمه مترجمان.....
۱۲	پیشگفتار نویسنده.....
۱۵	فصل ۱. اساس حکمت علم.....
۱۶	۱-۱ دانش چیست؟.....
۱۷	۲-۱ طبقه‌بندی و عملکرد زبان.....
۲۴	۳-۱ فراسوی ابزارهای شناختی ما چه چیزی وجود دارد؟.....
۲۵	۱-۳-۱ اشیای موجود در طبیعت، همان موضوعات هستند.....
۲۶	۲-۳-۱ سیستم‌ها.....
۲۹	۳-۳-۱ موضوع و سیستم.....
۲۹	۴-۳-۱ سیستم در سلسله‌جانوران چیست؟.....
۳۱	۵-۳-۱ اطلاعات چیست؟.....
۳۶	۶-۳-۱ کمی کردن اطلاعات.....
۳۸	۷-۳-۱ صفت چیست؟.....
۴۴	۴-۱ فراگیری دانش در علم.....
۴۴	۱-۴-۱ «واقعیت» چیست؟.....
۴۵	۲-۴-۱ قیاس و استقرا.....
۴۹	۳-۴-۱ روش فرضی استنباطی.....
۵۰	۴-۴-۱ قوانین و نظریه‌ها.....
۵۲	۵-۴-۱ قوانین احتمالات و اصل میان‌بر.....
۶۰	۶-۴-۱ پدیده‌شناسی.....
۶۱	۷-۴-۱ نقش منطق.....
۶۲	۸-۴-۱ الگوریتم‌ها و کسب دانش.....
۶۳	۵-۱ معرفت‌شناسی تکاملی.....
۶۷	فصل ۲. موضوع سیستماتیک تبارزادی.....
۶۸	۱-۲ انتقال اطلاعات ژنتیکی بین موجودات زنده.....
۶۹	۱-۱-۲ انتقال افقی ژن.....
۷۰	۲-۱-۲ تولیدمثل کلونال.....
۷۱	۳-۱-۲ تولیدمثل دوجنسی.....

- ۷۲-۱-۲ موردی خاص از همزیست‌ها که به تولید اندامک‌ها منجر می‌شود (میتوکندری و پلاستیدها).....
- ۷۴-۲ جمعیت.....
- ۸۱-۳-۲ «گونه زیستی».....
- ۸۷-۱-۳-۲ مفهوم گونه به‌عنوان یک ابزار تبارزادی.....
- ۹۷-۲-۳-۲ شناسایی گونه.....
- ۱۰۰-۴-۲ فیلد موقتی بین گونه‌ها.....
- ۱۰۳-۵-۲ گونه زایی به‌عنوان یک «رویداد کلیدی».....
- ۱۰۳-۱-۵-۲ مفاهیم و روندهای واقعی.....
- ۱۰۴-۲-۵-۲ گونه‌زایی دوتایی و چندتایی (دیکوتومی و پلی‌تومی).....
- ۱۰۵-۶-۲ تک‌نیاها.....
- ۱۱۰-۷-۲ نظریه تکاملی و مدل‌های تکامل به‌عنوان پایه‌هایی برای سیستماتیک.....
- ۱۱۵-۱-۷-۲ تنوع و تکامل ساختارهای ریختی.....
- ۱۲۳-۲-۷-۲ تنوع و تکامل مولکول‌ها.....
- ۱۴۷-۸-۲ خلاصه: ساختارها، روندها و سیستم‌ها.....

فصل ۳. نمودارهای تبارزادی..... ۱۴۹

- ۱۴۹-۱-۳ هستی‌شناسی و واژگان.....
- ۱۵۳-۲-۳ توپولوژی.....
- ۱۵۳-۱-۲-۳ تجسم فرضیه سازگاری تک‌نیایی.....
- ۱۵۶-۲-۲-۳ نمایش فرضیه ناسازگاری تک‌نیایی.....
- ۱۵۶-۳-۲-۳ نمایش فرضیه قطبیت صفات و آپومورفی.....
- ۱۵۷-۳-۳ دندروگرام‌های اجماع.....
- ۱۶۰-۱-۳-۳ فوق‌درخت‌ها و «رأی‌گیری دموکراتیک».....
- ۱۶۱-۲-۳-۳ محاسبه تعداد عناصر دندروگرام و توپولوژی‌های آن.....
- ۱۶۴-۵-۳ آرایه.....
- ۱۶۸-۶-۳ تبار پایه.....
- ۱۷۰-۷-۳ صنف‌های لینه‌ای.....

فصل ۴. در جست‌وجوی شواهد تک‌نیایی..... ۱۷۵

- ۱۷۵-۱-۴ اطلاعات در سیستماتیک چیست؟.....
- ۱۷۹-۲-۴ رده‌های صفات.....
- ۱۷۹-۱-۲-۴ شباهت‌ها.....
- ۱۸۶-۲-۲-۴ رده‌های هم‌ساختی.....

۱۹۷.....	۳-۲-۴ تشکیل گروه‌ها با دسته‌های مختلف صفات.....
۱۹۹.....	۴-۲-۴ ژن‌های هم‌ساخت.....
۲۰۰.....	۳-۴ اصول تحلیل صفت.....
۲۰۲.....	۱-۳-۴ روندها و الگوها یا آنچه می‌توان از تابلوی مونا‌لیزای لئوناردو داوینچی آموخت.....
۲۰۵.....	۴-۴ تعیین حدود تک‌نیاها و شناسایی آن‌ها.....
۲۰۵.....	۱-۴-۴ تعیین حدود.....
۲۰۷.....	۲-۴-۴ شناسایی.....
۲۰۸.....	۳-۴-۴ روش پیشنهادشده برای تحلیل‌های عملی.....
۲۰۹.....	۵-۴ تحلیل سنگ‌واره‌ها.....
۲۰۹.....	۱-۵-۴ تحلیل صفت.....
۲۱۱.....	۲-۵-۴ سری تغییرات جمعیت‌ها به‌عنوان شاهدهی برای تک‌نیایی.....
۲۱۳.....	فصل ۵. تحلیل پدیدارشناختی صفت.....
۲۱۳.....	۱-۵ تخمین احتمال هم‌ساختی و موازنه صفت.....
۲۱۴.....	۱-۱-۵ احتمال هم‌ساختی و معیارهای ارزیابی آن.....
۲۲۸.....	۲-۱-۵ موازنه (سنجش).....
۲۳۲.....	۲-۵ جست‌وجوی هم‌ساختی‌های ریختی و مولکولی.....
۲۳۳.....	۱-۲-۵ معیارهای هم‌ساختی برای صفات ریختی.....
۲۴۶.....	۲-۲-۵ هم‌ساختی در صفات مولکولی.....
۲۷۲.....	۳-۵ تعیین قطبیت صفت.....
۲۷۳.....	۱-۳-۵ درون‌گروه و برون‌گروه.....
۲۷۴.....	۲-۳-۵ تحلیل تبارزادی صفت با مقایسه برون‌گروه، بازسازی الگوی زمینه‌ای.....
۲۸۱.....	۳-۳-۵ الحاق برون‌گروه کلادیستی.....
۲۸۳.....	۴-۳-۵ افزایش پیچیدگی.....
۲۸۴.....	۵-۳-۵ معیار سیر تکامل فردی (انتورنتیکی).....
۲۸۹.....	۶-۳-۵ معیار دیرین‌شناختی.....
۲۹۰.....	۷-۳-۵ تعیین پدیدارشناختی قطبیت حالت صفت در توالی اسیدهای نوکلئیک و نامتقارن بودن الگوهای حمایت کننده انشعاب.....
۲۹۳.....	فصل ۶. بازسازی تبارزایی: روش پدیدارشناختی.....
۲۹۵.....	۱-۶ کلادیستیک عددی.....
۲۹۷.....	۱-۱-۶ رمزگذاری صفت.....
۳۰۲.....	۲-۱-۶ روش حداکثر میان‌بری برای ساخت درخت.....

- ۳۱۱-۱-۶ موازنه و روش حداکثر میان‌بری.....
- ۳۱۳-۱-۶ موازنه تکراری.....
- ۳۱۴-۱-۶ هم‌پلازی.....
- ۳۱۶-۱-۶ دست‌کاری ماتریس داده‌ها.....
- ۳۱۶-۱-۶ بازسازی کلادیستی الگوهای زمینه‌ای.....
- ۳۱۹-۱-۶ دندروگرام‌های ریشه‌دار و غیرقطبی.....
- ۳۲۰-۱-۶ آماره‌های کلادیستیکی و آزمون‌های اطمینان‌سنجی.....
- ۳۲۹-۱-۶ آیا هم‌ساختی‌ها را می‌توان با روش حداکثر میان‌بری شناسایی کرد؟.....
- ۳۳۳-۱-۶ منابع خطای کلادیستیک عددی.....
- ۳۳۴-۲-۶ روش هنیگ (کلادیستیک تبارزادی).....
- ۳۳۸-۲-۶ مقایسه کلادیستیک عددی و تبارزادی.....
- ۳۴۰-۳-۶ تحلیل کلادیستی توالی‌های DNA.....
- ۳۴۰-۱-۳-۶ موازنه وابسته به مدل.....
- ۳۴۴-۲-۳-۶ مشکل همسانی: معیار گروه‌های چندنیایا.....
- ۳۴۷-۳-۳-۶ دام سیم‌پلزیومورفی: گروه‌های پیراتبار (پارافیلیتیک).....
- ۳۵۰-۴-۳-۶ استفاده از شکاف‌های هم‌ترازی.....
- ۳۵۵-۵-۳-۶ آپومورفی‌های بالقوم.....
- ۳۵۵-۶-۳-۶ Lake.....
- ۳۵۵-۴-۶ جدایی - تجزیه.....
- ۳۵۸-۵-۶ طیف‌ها.....
- ۳۵۸-۱-۵-۶ قواعد.....
- ۳۵۹-۲-۵-۶ تحلیل طیف جایگاه‌های تأییدکننده.....
- ۳۶۴-۶-۶ تحلیل‌های ترکیب‌شده، تقسیم‌بندی داده‌ها، شواهد کلی.....

فصل ۷. تحلیل فرایندی صفت..... ۳۶۹

فصل ۸. بازسازی تبارزادی: روش‌های وابسته به مدل..... ۳۷۵

- ۳۷۶-۱-۸ مدل‌های جایگزینی.....
- ۳۸۴-۲-۸ روش‌های فاصله.....
- ۳۸۶-۱-۲-۸ اصول تحلیل‌های فاصله.....
- ۳۸۹-۲-۲-۸ فواصل قابل مشاهده.....
- ۳۹۱-۳-۲-۸ اثرات تحریف.....
- ۳۹۲-۴-۲-۸ اثر موقعیت‌های ثابت، موقعیت‌هایی با تغییرپذیری متفاوت و جاهای خالی در هم‌ترازی.....

۳۹۵.....	۵-۲-۸ اثرات فراوانی نوکلئوتیدی.....
۳۹۶.....	۶-۲-۸ اصلاح فاصله.....
۳۹۹.....	۷-۲-۸ ساخت درخت با داده‌های فاصله.....
۴۰۰.....	۳-۸ حداکثر درست‌نمایی: تخمین احتمال رویدادها.....
۴۰۳.....	۴-۸ استنباط تبارزایی بیزین.....
۴۰۸.....	۵-۸ تحلیل طیفی هندی-پنی.....
۴۱۰.....	۶-۸ نقش شبیه‌سازی.....
۴۱۳.....	فصل ۹. منابع خطا
۴۱۳.....	۱-۹ مروری بر منابع معمول خطا.....
۴۱۷.....	۲-۹ معیارهایی برای تکامل کیفیت مجموعه داده‌ها.....
۴۲۱.....	فصل ۱۰. مقایسهٔ دندروگرام‌ها و آزمون‌های معنی‌داری
۴۲۱.....	۱-۱۰ میزان معنی‌داری.....
۴۳۳.....	۲-۱۰ مقایسهٔ توپولوژی‌ها.....
۴۳۷.....	فصل ۱۱. اهمیت نتایج تبارزادی برای سایر مطالعات
۴۳۹.....	فصل ۱۲. نظام‌بندی و رده‌بندی
۴۳۹.....	۱-۱۲ نظام‌بندی.....
۴۴۱.....	۲-۱۲ سلسله‌مراتب.....
۴۴۲.....	۳-۱۲ رده‌بندی رسمی.....
۴۴۲.....	۱-۳-۱۲ نام‌های لینه‌ای قدیمی.....
۴۴۶.....	۲-۳-۱۲ نام‌گذاری تبارزادی.....
۴۴۷.....	۴-۱۲ تولیدات مصنوعی رده‌بندی رسمی.....
۴۴۸.....	۵-۱۲ آرایه‌شناسی.....
۴۴۸.....	۶-۱۲ آرایه‌شناسی تکاملی.....
۴۵۱.....	فصل ۱۳. قوانین کلی رده‌بندی تبارزادی
۴۵۳.....	فصل ۱۴. ضمیمه: روش‌ها و اصطلاحات
۴۵۳.....	۱-۱۴ مدل‌های تکامل توالی.....
۴۵۳.....	۱-۱-۱۴ مدل جوکس - کانتور.....
۴۵۶.....	۲-۱-۱۴ مدل تاجیما-نی.....

- ۴۵۷..... ۳-۱-۱۴ مدل دو عاملی کیمورا.....
- ۴۵۸..... ۴-۱-۱۴ مدل تامورا-نی.....
- ۴۵۸..... ۵-۱-۱۴ تغییر پذیری وابسته به موقعیت نرخ جایگزینی‌ها.....
- ۴۶۲..... ۶-۱-۱۴ تغییر فاصله لاگ‌دیت.....
- ۴۶۳..... ۷-۱-۱۴ توالی‌های کدکننده پروتئین.....
- ۴۶۳..... ۲-۱۴ حداکثر میان‌بری: جست‌وجوی کوتاه‌ترین توپولوژی.....
- ۴۶۵..... ۱-۲-۱۴ ساختمان توپولوژی‌ها.....
- ۴۶۷..... ۲-۲-۱۴ موازنه ترکیبی.....
- ۴۷۰..... ۳-۲-۱۴ مقایسه حداکثر میان‌بری و حداکثر درست‌نمایی.....
- ۴۷۱..... ۳-۱۴ روش‌های فاصله.....
- ۴۷۱..... ۱-۳-۱۴ تعریف فاصله همینگ.....
- ۴۷۲..... ۲-۳-۱۴ تبدیل فاصله‌ها.....
- ۴۷۵..... ۳-۳-۱۴ فاصله‌های افزایشی.....
- ۴۷۷..... ۴-۳-۱۴ فاصله‌های فرامتری.....
- ۴۷۷..... ۵-۳-۱۴ تغییر داده‌های فراوانی به داده‌های فاصله: فاصله‌های هندسی.....
- ۴۷۸..... ۶-۳-۱۴ فاصله ژنتیکی نی: فراوانی‌های آللی، قطعات محدودشده.....
- ۴۸۱..... ۷-۳-۱۴ ساخت دندروگرام با روش‌های خوشه‌ای.....
- ۴۸۳..... ۸-۳-۱۴ طراحی دندروگرام‌ها با روش‌های حداقل تکامل.....
- ۴۸۴..... ۴-۱۴ طراحی شبکه‌ها: تجزیه انشعاب.....
- ۴۹۲..... ۵-۱۴ تحلیل کلیک.....
- ۴۹۳..... ۶-۱۴ روش‌های حداکثر درست‌نمایی: تحلیل توالی‌های DNA.....
- ۵۰۰..... ۷-۱۴ پیوستگی و ترکیب هادامارد و طیف‌های هندی-پنی.....
- ۵۰۹..... ۸-۱۴ آزمون نرخ نسبی.....
- ۵۱۱..... ۹-۱۴ ارزیابی محتوای اطلاعات مجموعه داده‌ها با استفاده از جایگزینی‌ها.....
- ۵۱۴..... ۱۰-۱۴ نسبت F-.....
- ۵۱۶..... ۱۱-۱۴ ماتریس پی ای ام.....
- ۵۱۷..... ۱۲-۱۴ بهینه‌سازی هم‌ترازی.....

۵۲۳..... فصل ۱۵. برنامه‌های کامپیوتری موجود، سایت‌های شبکه

۵۲۵..... منابع

۵۴۵..... نمایه

مقدمه مترجمان

تکامل، تنوع عظیمی از گونه‌ها را در سلسله جانوری به وجود آورده است، اما با وجود این گستردگی، تنوع جانوران نامحدود نیست. بنابراین هر جانورشناس متخصص در علم سیستماتیک یا سازگان‌شناسی، سه هدف: کشف گونه‌های جانوری، جست‌وجوی خویشاوندی‌های تکاملی بین آن‌ها و ارتباط این خویشاوندی‌ها از طریق یک نظام آرایه‌شناختی آگاهی‌بخش را در ذهن خود می‌پروراند. در واقع هدف اصلی علم سیستماتیک، ایجاد درخت تکاملی تبارزایی است که تمام گونه‌های موجود و منقرض شده را به هم ارتباط دهد. این عمل با شناسایی خصوصیات سازوارگان که معمولاً صفت نامیده می‌شوند و از نظر حالات مختلف آن بین گونه‌ها تغییر می‌کنند، قابل انجام است. تحلیل‌های تبارزادی منوط به یافته‌هایی هستند که معرف وجوه مشترک بین صفاتی است که از یک جد مشترک به ارث رسیده است. آرایه‌شناسی قسمتی از علم گسترده سازگان‌شناسی یا سیستماتیک است که بخشی از زیست‌شناسی مقایسه‌ای است و به منظور ادراک ارتباطات تکاملی از مطالعات مربوط به گوناگونی جمعیت‌های جانوری استفاده می‌کند. هر نظریه آرایه‌شناسی اصولی را مدون می‌کند که برای شناسایی و رتبه‌بندی گروه‌های آرایه‌شناختی از آن استفاده می‌شود. بیوسیسستماتیک یا سیستماتیک نوین یکی از شاخه‌های جدید است که تنوع زیستی زیست‌کره را با استفاده از روش‌های جدید میدانی و آزمایشگاهی برای شناسایی ساختار جمعیتی گونه‌های یگان‌های تنوع زیستی تحلیل تجربی می‌کند. براساس میراث مکتوب سیستماتیک جانوری، تکامل زیستی و رده‌بندی تبارزادی یگان‌های زیستی را به عنوان سیستم مرجع جهانی طبقه‌بندی می‌نمایند که این سیستم یکی از نیازهای ضروری زیست‌شناسان و محققان علوم زیستی است. هدف، پرورش نسل جدیدی است که می‌خواهند از طریق پژوهش به مرزهای دانش جانورشناسی و نظریه پردازی برسند. اساس بر شناخت ساختار جمعیتی گونه‌ها و گونه‌شناسی گذاشتیم. ساختار گونه‌ها از عجایب هستی است. هاکسلی می‌گوید: همان‌طور که برای داروین گونه مسئله بود، اکنون برای ما هم مسئله است. از آنجایی که حیات با گونه آغاز شد، نه با فرد. زیست‌شناسی در بُعد فلسفی‌اش باید به این نکته توجه کند که حیات مفهوم آرایه‌شناختی و گونه‌ای دارد و اگر گونه دقیقاً شناسایی نشود، همه پژوهش‌هایی که بر آن استوار می‌شوند، بی‌اعتبار خواهند بود و وارد خطای گونه‌سازی و خطای در تحلیل آرایه‌شناختی خواهیم شد باید توجه داشت که منطق بیوسیسستماتیک جانوری قائم به ذات خود است و رویدادهای سازشی تکاملی را در رده‌بندی ملاک عمل قرار نمی‌دهد. بنابراین آرایه‌شناسی گروه‌های جانوری مستقل از نظریه‌های سازشی تکامل شکل می‌گیرد.

علم تبارزادی یا نیاوندی یک سازگان برای رتبه‌بندی آرایه‌ها براساس تحلیل صفات جدید اشتقاق یافته هر کلاد یا نیاوند است، به طوری که ترتیب ارتباطات تبارزادی را منعکس کند. روش‌های رده‌بندی تبارزادی هنوز در حال تکامل هستند، اما یافته‌های کلی و منطقی آن که به طور نظری بیان شده‌اند، تغییرپذیر نیستند. رده‌بندی تبارزادی به دنبال بازسازی روابط آرایه‌ها براساس سنجش صفات است که روش دقیقی برای موازنه صفات ارائه می‌کند. فرض اولیه در این روش این است که تمام آرایه‌ها محصول فرایند تکامل‌اند و برای بازسازی این آرایه‌ها به ارجاع به داده‌های دیرین‌شناختی نیازی نیست و می‌توان روابط را براساس آرایه‌های امروزی و تحلیل دقیق صفات آن‌ها بازسازی کرد که برای بازسازی تبارزادی از روش‌های مختلف از جمله کلادستیک عددی، حداکثر میان‌بری، موازنه و رمزگذاری صفات استفاده می‌شود. البته بررسی و شناخت منابع خطا در این بازسازی نقش بسیار مهمی را ایفا می‌کند.

در این کتاب، اساس حکمت علم و نگاه به اشیا و سیستم‌ها از دیدگاه فلسفی مطرح می‌گردد. همچنین، نظام‌بندی و رده‌بندی سلسله‌مراتبی که از فعالیت‌های مهم یک آرایه‌شناس است، بررسی و نام‌های قدیم لینه‌ای با نام‌گذاری‌های جدید تبارزادی مقایسه می‌گردد و انواع مدل‌های تکاملی ذکر و توضیح داده می‌شوند. در مورد انواع تولیدمثل، مفهوم گونه زیستی و شناسایی آن، گونه‌زایی، تنوع و تکامل بحث می‌شود. همچنین از دندروگرام‌ها، تک‌نیایی‌ها و تعیین حدود آن‌ها، هم‌ساختی‌ها و هم‌پلازی (هم‌پاله) و درون‌گروه و برون‌گروه صحبت می‌شود. صفات آپومورفی، پلزیومورفی (کهن‌ریختی)، سین‌آپومورفی (پس‌ریختی) و اتاپومورفی‌ها از ویژگی‌های مهم برای رده‌بندی جمعیت‌ها و گونه‌ها مطرح می‌گردد و سپس به مبانی رده‌بندی تبارزادی پرداخته می‌شود.

ترجمه کتاب حاضر در فروردین‌ماه سال ۱۳۹۴ هجری شمسی توسط پرفسور جمشید درویش، استاد زیست‌شناسی دانشگاه فردوسی مشهد و عضو وابسته گروه علوم پایه فرهنگستان علوم جمهوری اسلامی ایران، آغاز شد. دکتر جمشید درویش در سال ۱۳۳۰ در شهر بیرجند به دنیا آمد. او پس از فارغ‌التحصیلی از دانشگاه تبریز، در سال ۱۳۵۳ عازم کشور فرانسه شد و در سال ۱۳۵۸ موفق به اخذ دکتری تخصصی بیوسیستماتیک جانوری از دانشگاه مونپلیه فرانسه گردید. شادروان دکتر درویش در سال ۱۳۸۷ به عنوان استاد نمونه کشوری انتخاب شد و مرکز پژوهشی جانورشناسی دانشگاه فردوسی مشهد را تأسیس کرد. ایشان مؤلف ۵ کتاب و مترجم ۶ عنوان کتاب دیگر است. از دکتر درویش، بیش از صد مقاله در نشریات معتبر بین‌المللی و داخلی چاپ شده و همچنین از ایشان بیش از شصت طرح پژوهشی اجرا شده و سه اختراع در زمان حیات به ثبت رسیده است.

بعد از درگذشت پرفسور جمشید درویش در ۲۴ آبان‌ماه ۱۳۹۶، به پیشنهاد و توصیه خود ایشان، بقیه کار توسط این جانب فاتره یزدانی مقدم، همکار ایشان و عضو هیئت علمی گروه زیست‌شناسی دانشگاه فردوسی مشهد، و سرکار خانم دکتر صفیه اکبری‌راد، از دانشجویان برتر بیوسیستماتیک جانوری دانشگاه فردوسی مشهد، بازنویسی و ترجمه مجلد شد و هم‌اکنون در اختیار دانشجویان و علاقه‌مندان قرار می‌گیرد.

در این کتاب سعی شده است که تا حد امکان از واژه‌های تخصصی براساس مصوبات فرهنگستان زبان فارسی که تأکید استاد فقید دکتر درویش هم بر آن بوده است، استفاده شود؛ اما برای اینکه در فهم مطالب علمی مشکلی پیش نیاید، معمولاً معادلات فارسی فرهنگستان در پرانتز و همچنین معادل لاتین واژه‌ها در پاورقی کتاب ذکر شده است.

در پایان از همه همکاران و دانشجویان عزیزی که در ترجمه فصل‌هایی از این کتاب قبل از سال ۱۳۹۶ همکاری داشته‌اند، تشکر و قدردانی می‌کنیم. همچنین تشکر صادقانه خود را از ارزیابان و ویراستاران علمی و ادبی تقدیم می‌داریم که پیشنهادهای متعددی ایشان در بهبود بخشیدن به کتاب بالاترین ارزش را در فرایند بازبینی داشته است. در پایان، از سرکار خانم مهندس آزاده آژیر، همسر استاد گران قدر فقید دکتر جمشید درویش، به خاطر زحمات و تلاش‌های ارزنده ایشان در پیگیری ترجمه و کمک به چاپ این کتاب تشکر و قدردانی می‌کنیم. هرچند ما تلاش بسیاری برای خلق یک متن عاری از اشتباه انجام دادیم، اما به طور اجتناب‌ناپذیری ممکن است اشتباهاتی در ترجمه کتابی با این وسعت و پیچیدگی راه یابد، مخصوصاً که متأسفانه مترجم اصلی این کتاب ارزشمند، دکتر جمشید درویش، استاد عالم و فرزانه که همیشه پاسخ‌گوی سؤالات علمی ما در حوزه بیوسیستماتیک بودند، در میان ما نیستند. بنابراین امید است که همکاران و دانشجویانی که این اثر را مطالعه می‌کنند، با اعلام نظرها و پیشنهادهای اصلاحی خود ما را یاری کنند تا ان شاء الله در چاپ‌های جدید اعمال شود. خواهشمند است خوانندگان محترم ملاحظات خود را به آدرس پست الکترونیک زیر ارسال کنند:

yazdani@um.ac.ir

پیشگفتار نویسنده

از وظایف اصلی سیستماتیک‌دانان خلاقیت، رده‌بندی و توصیف تنوع موجودات زنده‌ای است که در طول تاریخ کره زمین تکامل پیدا کرده‌اند (واژه «رده‌بندی» در بخش ۱-۳-۴ توصیف شده است). با تعیین موقعیت یک موجود زنده در درون یک آرایه، خصوصیات آناتومیکی آن و نقش و جایگاه تغذیه‌ای آن در اکوسیستم‌ها دسته‌بندی و تعیین می‌شود. چنین رده‌بندی، مدیریت اطلاعات ژنتیکی موجود در طبیعت را که می‌تواند به‌عنوان مجموعه‌ای از طرح‌های تنوع زیستی در نظر گرفته شود، تسهیل می‌کند که می‌توان آن را مجموعه‌ای از طرح‌های تنوع زیستی و میراث بی‌نهایت ارزشمند دانست که متأسفانه امروزه با خون‌سردی در حال هدررفتن است. یک سیستماتیک‌دان سیستمی مرجع را می‌سازد که نه تنها امکان بازیابی مستقیم اطلاعات زیستی را می‌دهد، بلکه خصوصیات موجودات زنده را پیش‌بینی می‌کند. تحقیقات اکولوژیکی و تکاملی بر نتایج سیستماتیکی (سازگان‌شناسی) تکیه می‌کند.

سیستماتیک تبارزادی^۱ با تشخیص و اثبات روابط سروکار دارد و به‌صورت ذهنی امکان جایگیری بین ذهنی آزمایشی آرایه را در درخت تبارزادی فراهم می‌کند. هدف آن به‌تصویر کشیدن تبارزایی است که شامل مجموعه‌های تاریخی وقایع انشعابی است و یک زیست‌شناس معمولاً آن را تکامل‌گونه در درخت‌ها می‌نامد. در این کتاب واژه «تکامل» علاوه بر تعصبات انسانی، به‌مفهوم تغییر در بُعد زمان استفاده می‌شود که نتیجه قابل رؤیت روندی است که آناتومی و سبک زندگی موجودات زنده را در طول زمان تغییر می‌دهد و اثرات آن در مولکول‌های کدکننده اطلاعات در موجود زنده به‌جای می‌ماند. این روندها نه تنها خصوصیات سازشی و ژن‌ها را تغییر می‌دهند، بلکه همچنین سایر صفات شامل برخی از توالی‌های DNA را که ظاهراً هیچ عملکرد مشخصی ندارند، نیز تغییر می‌دهند.

در سال‌های گذشته، سیستماتیک به‌عنوان یک علم تجربی بیشتر مورد قدردانی قرار گرفته است؛ زیرا روشن‌تر شده است که تصمیمات احتمالی واقع‌گرایانه‌ای اتخاذ شده‌اند که ممکن است تاحدودی با توابع ریاضی توصیف شوند. در گذشته بی‌ثباتی نام آرایه‌ها و رده‌بندی موجودات زنده اغلب نتیجه تصمیمات ذهنی بود که از نظر علمی به‌سختی قابل توجیه بود و موجب به‌وجود آمدن تأثیرات نامطلوب بر کارایی و اهمیت سیستماتیکی می‌شد. در چند وقت اخیر، نتایج به‌دست آمده با «روش‌های جدید»، سردرگمی‌ها را افزایش داده است؛ زیرا بسیاری از مقالات و مطالب چاپ‌شده براساس داده‌های ناکافی و روش‌های نادرست تجزیه و تحلیل داده‌ها بوده است. فرضیه‌های جدیدی بدون هیچ تردید مورد نیازی، توسط بسیاری

1. Phylogenetic systematics

پذیرفته شده است. عدم توافق بین سیستماتیک‌دانان به شک و تردید در مورد عینیت و ماهیت روش‌ها و قابل آزمایش بودن فرضیه‌های استفاده‌شده در سیستماتیک، کمک کرده است؛ خصوصیتی که یک علم ژرف باید از آن برخوردار باشد. معمولاً مرجعی برای یک نظریه بنیادین سیستماتیکی وجود ندارد. هدف فصل‌های پیش‌روی این کتاب، ارائه مبانی نظری تجزیه و تحلیل داده‌های عینی است. قوانین بنیادی سیستماتیکی مشابه هم برای مورفولوژی مقایسه‌ای و هم در تحلیل توالی‌های DNA معتبر است. هدف این کتاب، مقایسه و سنتز روند روش‌شناختی رده‌بندی تبارزادی هنیگ با روش‌های عددی نوین است، تا نقاط اشتراک و تفاوت این روش‌ها مشخص شود و یک مبانی نظری مشترک، جست‌وجو شود. نظریه‌های بنیادی در رده‌بندی تبارزادی در ابتدا توسط حشره‌شناس و نظریه‌پرداز خوش‌قریحه به نام هنیگ^۱ (۱۹۱۳-۱۹۷۶) ارائه شد. امروزه مجموعه این علم شامل کلادیستیک و بسیاری از رویکردهای دیگر می‌شود.

شناخت عمیق نظریه یک پیش‌نیاز ضروری در کارهای علمی است. علاوه بر این، تجربه نیز لازم است. این نیازها نه فقط از طریق مطالعه، بلکه تنها از طریق تحلیل مثال‌های واقعی به دست می‌آیند. تنها از طریق کار کردن با موجودات زنده واقعی و با داده‌های حاصل از تحلیل طبیعت، یک شخص می‌تواند ویژگی‌های روش‌ها و همچنین تک‌تک گروه‌های موجودات زنده را درک کند.

برای بازسازی تبارزایی نیازی نیست که به دنبال جزئیات وقایع تاریخ طبیعی باشیم که الگوی آن‌ها با ساختار و سبک زندگی ما مطابقت دارند همانطور که در زمان مقایسه موجودات زنده مشاهده می‌کنیم، به خصوص روندهای تکاملی بسیاری که به واگرایی ژنتیکی جمعیت‌ها منجر می‌شوند. به هر حال در بیشتر موارد، جزئیات این روندها شناخته‌شده نیستند. روندهایی بیشتر جالب توجه هستند که به انشقاق غیرقابل بازگشت جمعیت‌ها منجر شوند. به هر حال، برای یک سیستماتیک‌دان شناخت سازوکارهای اصلی تغییردهنده ساختار موجودات زنده در طول زمان ضروری است تا بتواند در مورد اینکه کدام روش می‌تواند برای تجزیه و تحلیل داده‌های موجود استفاده شود، تصمیم‌گیری کند؛ اگر مشخص شود که یک صفت با یک سرعت ثابت تکامل می‌یابد، زمان سپری‌شده از یک رویداد واگرایی را می‌توان با استفاده از حالات صفات قابل مشاهده تعیین کرد. به همین دلیل، فصول مربوط به تکامل صفات آورده شده‌اند. روندهایی که به جایگزینی یک حالت صفت قدیمی با نوع جدیدتر آن منجر می‌شوند، در جمعیت‌ها اتفاق می‌افتند. در این متن بر اهمیت ژنتیک جمعیت تأکید می‌شود، اما این حوزه زیست‌شناسی در این کتاب بررسی نمی‌شود.

تاکنون روش‌های بسیار زیاد و به‌سختی بررسی‌شده‌ای برای شناسایی ویژگی‌های جدید تکاملی طی تکامل موجودات زنده و بازسازی تبارزایی آن‌ها پیشنهاد شده‌اند. بحث در مورد تمام آن‌ها در حوزه این کتاب نیست. به علاوه، همیشه جایز نیست که برای آزمایش و کاربرد روش‌های جدیدی که توسعه آن‌ها به

نتیجه نرسیده است، زمان صرف کرد. به هر حال، ضروری است که اساس معرفت‌شناختی سیستماتیک‌کی نشان داده شود که برای تمام روش‌ها معتبر است و باید توسط هر سیستماتیک‌دان درک شود. روش‌های رده‌بندی تبارزادی هنوز در حال تکامل هستند، اما مبانی منطقی کلی و دقیق که از نظر تئوری می‌توان استنباط کرد، غیرقابل تغییر است.

سیستماتیک (سازگان‌شناسی) زیستی: علم رده‌بندی موجودات زنده و توصیف ژنتیکی و تنوع فنوتیپی (= تنوع زیستی) آن‌ها

سیستماتیک تبارزایی: تشخیص و اثبات روابط تبارزایی گروه‌های موجودات زنده و ادغام نام‌های مناسب گروه‌های موجودات زنده در یک سیستم ذهنی که تبارزایی آن‌ها را منعکس می‌کند (واژه «رده‌بندی» را در بخش ۱-۳-۴ ببینید).

علم تبارزادی: علم بازسازی تبارزایی (زیرمجموعه رده‌بندی‌های تبارزایی)

کلادیسستیک: علم نیاوندی ساخت دندروگرام‌ها از مجموعه داده‌های صفت/آرایه با استفاده از روش میان‌برترین (پارسیمونی‌ترین) راه (یکی از چندین روش‌های موجود؛ بخش ۱-۴-۵ را ببینید).