

فیلوژنی جنس *Erysimum* (*Brassicaceae*) با استفاده از نسل جدید توالی یابی (454 pyrosequencing)

حمید موذنی*

پژوهشکده علوم گیاهی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد.

* نویسنده مسئول: hmoazzeni@um.ac.ir

جنس *Erysimum* با داشتن بیش از ۲۰۰ گونه، یکی از جنس‌های بزرگ تیره شب بو است که عمدتاً در اوراسیا و با تعداد محدودی در آمریکای شمالی پراکنش دارند. *Erysimum* از لحاظ تاکسونومی یکی از جنس‌های مشکل تیره شب بو است. مطالعات فیلوژنی قبلی بر روی جنس *Erysimum* به دلیل وقوع پلی‌پلویدی، incomplete lineage sorting در تعیین روابط بین گونه‌ای چندان موفق نبوده‌اند. بنابراین، در مطالعه حاضر از روش 454 pyro sequencing برای تقویت توالی سه نشانگر کم/تک نسخه‌ای به نام‌های *Adh*، *pistillata* و *Luminidependens* از ۹۰ گونه مختلف جنس *Erysimum* استفاده شد. توالی‌های بدست آمده بعد از ویرایش بوسیله رویکرد Maximum likelihood و Bayesian برای هر نشانگر به صورت جداگانه مورد آنالیز قرار گرفتند. توپولوژی درختان حاصل از هر دو آنالیز برای هر مارکر یکسان بودند و تک نیا بودن جنس *Erysimum* را تایید کردند. همچنین بر روی درختان حاصل از این آنالیزها روابط بین گونه‌های تا حدودی حل شده بودند و به نظر میرسد گونه‌های غرب مدیترانه جدیدتر از سایر گونه‌ها بود و اخیراً بوجود آمده‌اند. همچنین آنالیز بیوجغرافیایی نشان داد که این جنس احتمالاً در منطقه‌ای بین جنوب غربی آسیا و شرق مدیترانه تکامل یافته است و به سایر نقاط نیمکره شمالی گسترش پیدا کرده است.

واژه‌های کلیدی: *Erysimum*، تیره شب بو، فیلوژنی، نسل جدید توالی یابی (NGS)

Phylogeny of the genus *Erysimum* L., (*Erysimeae*; *Brassicaceae*) using next generation sequencing (454 pyrosequencing)

Hamid Moazzeni*

Department of Botany, Research Center for Plant Sciences, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad

* Corresponding author: hmoazzeni@um.ac.ir

The genus *Erysimum* L. is one of the largest genera of the family *Brassicaceae* with over 200 species, distributed mainly in Eurasia and few species in North America. It is taxonomically one of the most difficult genera of *Brassicaceae*. The use of molecular data has created a clearer picture of the evolutionary background and refining taxonomic assessments for the examined taxa. Among different technologies used for biological research, is Next-Generation Sequencing (NGS) that has increased the amount of data generated for plant biological research, including phylogenetics. Therefore, this technology can potentially contribute to resolving complex phylogenetic problems of different plant groups. Previous attempts to reconstruct phylogeny of the genus *Erysimum* were not fully successful due to (allo) polyploidy and incomplete lineage sorting. In the present study, we used NGS (454 pyrosequencing) technology to amplify three low copy markers [i.e., *Adh*, *Luminidependens* (LD) and *pistillata* (Pi)] and generated sequences for 90 taxa. Our phylogenetic analyses using maximum likelihood and Bayesian methods (for each marker, separately) strongly confirm the monophyly of *Erysimum*. Both methods yielded trees with similar topologies that included several major clades. The results suggest that the west Mediterranean *Erysimum* species have evolved recently. Moreover, based on biogeographic analyses, we detect that the genus has originated between SW Asia and Eastern Mediterranean area. This study also confirms that NGS, is very useful for phylogenetic research and provides more reliable data.

Key words: *Brassicaceae*, *Erysimum*, Phylogeny, NGS