

## بیش پراکندگی فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی در راستای گرادیان ارتفاعی در یک مرتع کوهستانی از بخش شرقی استان فلوری خراسان-کپه داغ، خراسان رضوی

مارال پاشیرزاد<sup>۱</sup>، حمید اجتهادی<sup>۱\*</sup>، جمیل واعظی<sup>۱</sup> و ریچارد شفرسون<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> ایران، مشهد، دانشگاه فردوسی مشهد، دانشکده علوم، آزمایشگاه تحقیقاتی اکولوژی آماری و تنوع زیستی گیاهی

<sup>۲</sup> ژاپن، توکیو، دانشگاه توکیو، دانشکده هنر و علوم، سازمان برنامه‌های علوم محیط زیست

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۱۱/۲۸ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۲/۲۴

### چکیده

درک فرآیندهای تشکیل اجتماعات گیاهی در علم اکولوژی یک چالش بزرگ محسوب می‌گردد. امروزه با ورود فیلوژنی به تحقیقات اکولوژی، می‌توان این چالش بزرگ را حل نمود. لذا این مطالعه درصدد ارزیابی فرآیندهای تشکیل ساختارهای فیلوژنتیکی ۲۵۰۰ هکتار از مراتع کوهستانی واقع در شمال شرق ایران است. برای این منظور، ۱۳ پلات ۲۵ متر مربعی در هفت ایستگاه، نمونه‌برداری شدند و ساختار فیلوژنتیکی ۹۱ اجتماع گیاهی با فراوانی گونه‌های گیاهی موجود در آن با استفاده از شاخص‌های فیلوژنتیکی نظیر NRI، NTI و Phylosor مورد ارزیابی قرار گرفتند. درخت فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی از طریق برنامه phylomatic تهیه شد که از سیستم APGIII برای حل روابط تاکسونومیک استفاده می‌نماید. طول شاخه‌های درخت با الگوریتم BLADJ از روی نسخه به روزرسانی شده megatree در phylomatic تخمین زده شد. نتایج مطالعه، تغییر ساختار اجتماعات گیاهی را از خوشه‌بندی به بیش‌پراکندگی فیلوژنتیکی معنادار در گرادیان ارتفاع نشان می‌دهد. بیش‌پراکندگی فیلوژنتیکی در محیط‌های پرتنش می‌تواند به سبب رقابت در بین آرایه‌های خویشاوند نزدیک یا تسهیل در بین آرایه‌های خویشاوند دور باشد. تنوع بتای فیلوژنتیکی، افزایش واژگردی در سطوح انتهایی را با افزایش فواصل محیطی نشان می‌دهد که توجیه‌کننده نقش ارتفاع در ایجاد محدودیت پراکندگی برای بعضی گروه‌های خواهری علاوه بر ایجاد محدودیت‌های آشیان اکولوژیک (نیچ) است. با توجه به نتایج کسب شده درختان فیلوژنتیکی با قدرت تفکیک کمتر در حل روابط تاکسونومیک، در صورت واژگردی در بین گروه‌های خواهری بزرگ می‌توانند ارزیابی صحیحی از فرآیندها ایجاد کنند. چنین نتیجه‌ای برای سنجش ساختارهای فیلوژنتیکی بمنظور ارتقا برنامه‌های مدیریتی و حفاظت از پوشش گیاهی مهم خواهد بود.

**واژه‌های کلیدی:** ساختار فیلوژنتیکی، واژگردی فیلوژنتیکی، تشکیل اجتماعات گیاهی، محدود بودن نیچ، محدودیت پراکندگی

\* نویسنده مسئول، تلفن: ۰۵۱۳۸۸۰۵۵۰۱، پست الکترونیکی: hejtehadi@um.ac.ir

### مقدمه

درک درست فرآیندهای موثر در تشکیل اجتماعات گیاهی، چالش اصلی اکولوژیست‌ها در حوزه اکولوژی اجتماع بمنظور اهداف مدیریت پوشش گیاهی و حفاظت از تنوع-زیستی است (۲ و ۲۶). در دو دهه اخیر، بررسی ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی کمک شایانی به حل این چالش بزرگ نموده است (۵ و ۴۱). رابطه فیلوژنتیکی بین

آرایه‌های گیاهی (در چنین مطالعاتی معادل گونه و زیر گونه قرار می‌گیرد) حضور یافته در یک اجتماع به عنوان ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی شناخته می‌شوند که مطالعه آن در درک فرآیندهای موثر در تشکیل اجتماعات ضروری است (۴ و ۳۸). فرضیه‌های متعددی پیرامون فرآیندهای موثر در تشکیل اجتماعات گیاهی ارائه شده‌اند

آرایه‌های گیاهی در منبع گونه‌ای به جای استفاده از درخت‌های فیلوژنتیکی مبتنی بر Phylomatic مطرح شده است. زیرا براساس توالی‌های ژنی بیشتر، قدرت تفکیک آرایه‌های درون یک جنس بیشتر خواهد شد (۷). هرچند امروزه به دلیل پرهزینه بودن تعیین توالی‌های ژنی برای هر آرایه گیاهی، این موضوع مطرح نشده است که چقدر نتایج کسب شده از درخت Phylomatic با درخت فیلوژنتیکی حاصل از چندین توالی ژنی اختلاف دارد. این احتمال وجود دارد که اگر واژگردی آرایه‌های گیاهی در بین اجتماعات بیشتر در سطح جنس و تیره باشد در این صورت نتایج حاصله از دو روش ذکر شده بمنظور تعیین فاکتورهای تشکیل دهنده اجتماعات تفاوتی نداشته باشد (۴۱). هر چند ممکن است عدم درک صحیح فرآیندها ناشی از عدم سنجش شاخص‌های حساس به سطوح مختلف واگرایی در فیلوژنی بمنظور حذف وابستگی ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی به مقیاس مطالعه باشد.

ارزیابی ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی (PCS) با استفاده از شاخص‌های فیلوژنتیکی آلفا و بتای حساس به سطوح مختلف واگرایی در فیلوژنی می‌تواند مشکل وابستگی ساختار فیلوژنتیکی به مقیاس را حل نموده و درک صحیح‌تری از فرآیندها ارائه نماید (۴، ۸، ۱۲، ۳۲ و ۳۸). همبستگی شاخص‌های تنوع آلفای حساس به سطوح انتهایی و قاعده‌ای فیلوژنی با محیط می‌تواند واگرایی عمقی یا انتهایی آرایه‌ها را در فیلوژنی پیشنهاد نماید (۲۸). واگرایی در سطوح انتهایی و عمقی در فیلوژنی نشان می‌دهند مسئول تغییرات در ساختار فیلوژنتیکی بترتیب گروه‌های خواهری نزدیک به انتهای درخت فیلوژنتیکی و گروه‌های خواهری بزرگ در قاعده درخت هستند (۳۶). شاخص‌های تنوع بتای فیلوژنتیکی می‌تواند تغییرات در طول تکامل را آشکار نموده به طوری که واژگردی (به معنای جابه‌جایی آرایه‌های گیاهی در بین اجتماعات) مرتبط به گروه‌های خواهری در انتهای درخت فیلوژنتیکی

اما همگی بیان‌کننده آن هستند که برهم‌کنش‌های زیستی نظیر رقابت به شدت در آرایه‌های خویشاوند نزدیک صورت می‌گیرد. حال اگر رقابت به سبب محدودیت منابع رخ دهد، در این صورت حضور همزمان گونه‌های خویشاوند نزدیک (یعنی دارای نیای مشترک و صفات ژنتیکی مشابه) به سبب نیازهای مشابه اکولوژیکی در یک اجتماع - غیرممکن خواهد بود. در این صورت از نظر فیلوژنتیکی بیش‌پراکندگی یا واگرایی فیلوژنتیکی (Phylogenetic overdispersion) رخ خواهد داد (۵). اگر محدودیت‌های مکانی ایجاد شده توسط عوامل محیطی نظیر ناهمگنی‌های توپوگرافی یا سدهای جغرافیایی رایج باشد، گونه‌های نزدیک به هم سازگاری نسبت به شرایط ویژه پیشه می‌کنند در این حالت حضور همزمان گونه‌های خویشاوند نزدیک (یعنی دارای نیای مشترک با صفات مشابه) (یعنی خوشه‌بندی فیلوژنتیکی یا Phylogenetic clustering) مشاهده خواهد شد (۱۳، ۳۰ و ۳۲). هر چند وجود ضعف در روش‌های ترسیم رابطه فیلوژنتیکی بین آرایه‌های گیاهی و وابستگی چنین فاکتورهایی به مقیاس مورد مطالعه می‌تواند جمع‌بندی‌های متفاوتی از فاکتورهای اصلی دخیل در تشکیل اجتماعات گیاهی ارائه نماید (۲۸). سنجش ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی در یک اکوسیستم نیاز به ترسیم درخت فیلوژنتیکی ذخیره گونه‌ای آن اکوسیستم دارد (۳۶ و ۴۱). روش‌های گوناگونی برای ترسیم درخت فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی وجود دارد که بین اکولوژیست‌های اجتماع در مورد آن‌ها اختلاف نظر هست. در ابتدای شروع مطالعات تکاملی در حوزه بوم‌شناسی، درخت‌های فیلوژنتیکی با ابزارهایی نظیر Phylomatic تهیه شدند که در آن آرایش قرارگیری آرایه‌ها بر مبنای سیستم APG III است (۴۲). بسیاری از مطالعات در اوایل دهه اخیر نظیر مطالعه ساختار اجتماعات درختی نهادانه در چین و مطالعه ساختار اجتماعات درختی آمازون غربی از این ابزار نرم‌افزاری استفاده نموده‌اند (۳۱ و ۳۲). هر چند در سالهای اخیر، موضوع استفاده از توالی‌های DNA

بمنظور پاسخ به پرسش‌های زیر مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت: ۱) آیا ارتفاع به صورت معنادار نقش‌های کلیدی در تغییرات مربوط به ساختار و واژگردی فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی دارد؟ ۲) آیا محیط به صورت یکسان گروه‌های خواهری را تحت تاثیر قرار داده یا آرایه‌های خاصی مسئول تغییر در ساختار یا واژگردی فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی هستند؟ ۳) آیا ارتفاع در حضور و یا عدم حضور بعضی گروه‌های خواهری خاص نقش دارد؟ و آیا نتایج کسب شده از درخت فیلوژنتیکی مورد مطالعه قابل استناد است؟

### مواد و روشها

**معرفی منطقه مورد مطالعه:** منطقه مورد مطالعه ۲۵۰۰ هکتار از مراتع کوهستانی شیب‌های جنوبی کوه‌های هزارمسجد را شامل می‌شود. این منطقه در بین  $36^{\circ}40'$  و  $36^{\circ}55'$  عرض جغرافیایی و  $59^{\circ}17'$  و  $59^{\circ}31'$  طول جغرافیایی واقع شده است که از نظر تقسیمات سیاسی عمدتاً متعلق به مشهد و توس است. از نظر تقسیمات جغرافیای گیاهی، این منطقه در ناحیه ایران - تورانی و بخش شرقی استان فلوری خراسان - کپه داغ واقع شده است (شکل ۱). پوشش گیاهی غالب منطقه از گونه‌های گیاهی درختچه‌ای و علفی نظیر *Acantholimon pterostegium* Bunge. (Plumbaginaceae)، *Acanthophyllum diezianum* Hand.-Mazz.، *Artemisia koprtadghensis*، (Caryophyllaceae)، *Krasch., Popov & Lincz. ex Poljakov* (Asteraceae)، *Juniperus polycarpus var. turkomanica* (B.Fedtsch.) *Holosteum glutinosum* R.P.Adams (Cupressaceae)، (M.Bieb.) Fisch. & C.A.Mey., (Caryophyllaceae) و *Androsace maxima* L. (Primulaceae) و *Taeniatherum caputmedusae* (L.) Nevski (Poaceae) (برای اطلاعات بیشتر در ارتباط با گونه‌های شاخص زیستگاه‌های مختلف منطقه مورد مطالعه به منبع (۲۸) و (۲۹) مراجعه گردد) تشکیل شده است که در دامنه ارتفاعی

در راستای فواصل محیطی نشان از انتخاب سازگار در نتیجه محدودیت در تکامل نیچ است (۱۰). در همین راستا، سنجش شاخص‌های ذکر شده در ارزیابی ساختار اجتماعات درختی در جنگل‌های تروپیکال چین و ارزیابی ساختار اجتماعات علفی و درختچه‌ای در شمال شرق ایران، نقش همزمان فیلتر محیطی و مکانی را در ساختار-بندی اجتماعات گیاهی نشان دادند (۲۸، ۳۶ و ۳۸). هر چند نتایج ذکر شده در چنین مطالعاتی در ارتباط با درخت‌های فیلوژنتیکی ایجاد شده با چندین توالی ژنی است که نتایج دقیق‌تری از واگرایی‌های عمقی یا انتهایی آرایه‌ها ارائه می‌دهند (۷ و ۱۴). هر چند این موضوع به بحث کشیده نشده است که در اجتماعات گیاهی که تغییرات ترکیب گونه‌ای بیشتر در سطح جنس و تیره است ممکن است بتوان نتایج یکسانی را با درخت‌های حاصل از نرم افزار *phyloomatic* کسب نمود و از این طریق هزینه‌های تعیین چندین توالی برای آرایه‌های گیاهی به شدت کاهش خواهد یافت.

هدف از این مطالعه، ارزیابی فرآیندهای ایجادکننده ساختارهای فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی در راستای گرادیان ارتفاعی با تکیه بر سنجش روابط فیلوژنتیکی بین آرایه‌های گیاهی با استفاده از برنامه *Phyloomatic* است. اگرچه مطالعات مشابهی در منطقه مورد مطالعه صورت گرفته است اما چنین مطالعاتی مبتنی بر درخت‌های فیلوژنتیکی حاصل از چندین توالی ژنی است (۲۸ و ۲۹). این مطالعه درصدد آن است کیفیت نتایج حاصل از درخت‌های *phyloomatic* را در ارتباط با شاخص‌های حساس به سطوح مختلف واگرایی در فیلوژنی تست نماید. شاید در این میان بتوان طریقی را مطرح نمود تا کاهش هزینه‌های گزاف مرتبط به تعیین چندین توالی در سنجش ساختارهای فیلوژنتیکی در مقابل کسب نتایج با کیفیت حاصل گردد. بنابراین در راستای عامل مهم محیطی در اکوسیستم‌های کوهستانی یعنی ارتفاع، ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی در یک مرتع کوهستانی واقع در شمال شرق ایران

**تعیین اجتماعات گیاهی:** در این مطالعه، هر پلات ۲۵ متر مربعی به عنوان یک اجتماع در مقیاس مکانی در نظر گرفته شده است و در مجموع ۹۱ اجتماع مورد مطالعه قرار گرفت

**تجزیه و تحلیل داده‌های فیلوژنتیکی:** برای تخمین تنوع فیلوژنتیکی نیاز به یک درخت فیلوژنتیکی است که به طور مناسب منبع ذخیره گونه‌ای را مدل نماید (۲۱، ۳۱ و ۲۸). منبع ذخیره گونه‌ای در مطالعه ما به صورت فهرست کاملی از گونه‌های گیاهی حضور یافته در تمامی اجتماعات گیاهی تعیین شد (شکل ۲ و منبع ۲۹) که روش قابل توجهی در تعیین منبع ذخیره گونه‌ای در حوزه مطالعات اکولوژی اجتماعات فیلوژنتیک است (۴۱). در نهایت، منبع ذخیره گونه‌ای در این مطالعه، از ۱۲۹ آرایه گیاهی از نهادانگان و بازدانگان موجود در همه اجتماعات گیاهی مورد بررسی در منطقه مورد مطالعه تشکیل شد.

**ساخت درخت فیلوژنتیکی:** درخت بزرگ فیلوژنتیکی برای منبع ذخیره گونه‌ای با استفاده از نرم‌افزار آنالین phyloomatic (۴۲) ایجاد شد. این نرم‌افزار از ریخت‌شناسی یا توپولوژی APGIII به عنوان درخت پایه برای حل روابط تاکسونومیک به هم پیوسته استفاده می‌کند. طول شاخه‌های درخت phyloomatic با استفاده از الگوریتم BLADJ در نرم‌افزار Phylocom ver 4.1 محاسبه گردید (۷ و ۴۰) و تخمین سن گره آنژیوسپرم با استفاده از روش Wikstrom و همکاران انجام شده است (۴۳). در این روش، بیشتر تمرکز بر روی گروه‌های تاکسونومیک بالاتر است و معمولاً تعداد نمونه‌ها برای گروه‌های تاکسونومیک در زیرتیره کمتر است. سن گره آنژیوسپرم با استفاده از داده‌های فسیلی و سه بانک داده ژنی تخمین زده می‌شود (۴۳).

**تجزیه و تحلیل ساختار و تنوع فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی:** ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی با استفاده از دو شاخص فیلوژنتیکی محاسبه گردید. شاخص ارتباط

۱۲۰۰ تا ۲۰۰۰ متر به صورت گونه شاخص زیستگاه‌های مختلف هستند. بر طبق نمودارهای آمبروترمیک با استفاده از داده‌های هواشناسی یک دوره ۳۱ ساله (۱۹۸۷-۲۰۱۷) مربوط به سه ایستگاه سینوپتیک نزدیک منطقه، میانگین دمای سالانه بین ۱۴/۸۹ تا ۱۵/۳۳ درجه سانتی‌گراد و میانگین بارش سالانه بین ۲۰۷/۰۳ تا ۲۴۰/۵۱ میلی‌متر بوده و اقلیم آن نیمه خشک است (شکل S1). همچنین با مشاهدات شخصی در منطقه، چرای دام با شدت‌های کم تا متوسط در دامنه‌های ارتفاعی مختلف انجام می‌شود.

**جمع‌آوری داده:** هفت ایستگاه نمونه برداری با فاصله تقریبی ۱۰۰ متر ارتفاعی از یکدیگر در راستای گردیان ارتفاعی از ۱۳۵۰ متر تا ۱۹۵۰ متر تعیین شدند. سپس در هر ایستگاه نمونه برداری، ۱۳ پلات ۲۵ متر مربعی با روش سیستماتیک تصادفی با فاصله تقریبی ۱۰۰ تا ۲۰۰ متر از یکدیگر مستقر شدند (۲۸ و ۲۹). در هر پلات فراوانی گونه‌های گیاهی به صورت شمارش تعداد افراد آنها محاسبه گردید. نمونه‌های گیاهی جمع‌آوری شده و در مجموع ۱۲۹ آرایه گیاهی (گونه و زیر گونه) شناسایی شدند. بزرگترین تیره‌های گیاهی شامل Asteraceae، Fabaceae، Brassicaceae و Lamiaceae هستند (۲۹) (شکل ۲). داده‌های پوشش گیاهی در بهار و تابستان سال ۱۳۹۶ جمع‌آوری شده است.

برای ارزیابی همبستگی بین ارتفاع با اقلیم، متغیرهای میانگین دمای سالانه و مجموع بارش سالانه برای هر پلات ۲۵ مترمربعی از بانک داده WorldClim v1.4 (۱۵) استخراج گردید. همبستگی پیرسون بالایی بین افزایش ارتفاع با کاهش دما و افزایش بارش مشاهده گردید به طوری که میانگین دمای سالانه در حدود  $5/5^{\circ}C$  کاهش و مجموع بارش سالانه در حدود ۵۸ میلی‌متر افزایش در راستای گردیان ارتفاعی داشته‌اند. (شکل S2).

**تجزیه و تحلیل داده‌ها**

شناخته شده است (۳۶). این دو شاخص برای ۹۱ اجتماع گیاهی با استفاده از پکیج "picante" (۱۹) در نرم افزار R ver. 3.5.3 محاسبه شدند. تنوع بتای فیلوژنتیکی با استفاده از شاخص Phylosor مورد ارزیابی قرار گرفت. این شاخص نسبت طول شاخه‌های مشترک بین جفت اجتماعات گیاهی را اندازه‌گیری می‌کند (۳۷). هم چنین این شاخص حساسیت بالایی به واگرایی‌های عمقی و انتهای درخت فیلوژنتیکی دارد هر چند که میزان حساسیت به واژگردی‌های انتهای در آن بیشتر از واگرایی‌های عمقی است (۳۸). بمنظور تست معنی‌داری اختلاف در تنوع بتای فیلوژنتیکی در بین اجتماعات گیاهی و حذف میزان اریبی در تنوع بتای فیلوژنتیکی ناشی از غنای گونه‌ای متفاوت در بین اجتماعات گیاهی، تصادفی‌سازی با مدل‌سازی صفر (Null modelling) و با استفاده از الگوریتم *independentswap* با میزان ۹۹۹ بار صورت پذیرفت. سپس مقادیر موثر استاندارد از شاخص *phylosor* (یعنی  $SES_{phylosor}$ ) با استفاده از فرمول  $(Phylosor - Phylosor_{rand})/sd(Phylosor_{rand})$  بدست آمد. مقادیر بیش از ۱/۹۶ بیان‌کننده آن است که مقادیر مشاهده شده از *phylosor* بزرگ‌تر از مقادیر مورد انتظار حاصل تصادفی‌سازی است در حالی که مقادیر بیش از -۱/۹۶ مقادیر مشاهده شده کمتر از مورد انتظار را نشان می‌دهد (۳۸). مقادیر بیشتر یا کمتر از ۱/۹۶ + نشان‌دهنده واژگردی یا واگرایی‌های فیلوژنتیکی معنادار در بین اجتماعات گیاهی است و هر چه به سمت اعداد مثبت متمایل باشد نشان‌دهنده نقش گروه‌های خواهری خویشاوند دور در ایجاد چنین واژگردی‌هایی است (۱۸ و ۴۰). محاسبه این شاخص با استفاده از پکیج "picante" (۱۹) در نرم افزار R ver. 3.5.3 انجام شد.

در نهایت، تجزیه و تحلیل رگرسیون تک متغیره درجه اول بمنظور ارزیابی ارتباط بین ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی با ارتفاع در پکیج "vegan" در نرم افزار R ver. 3.5.3 انجام شد. هم‌چنین، بمنظور ارزیابی اهمیت ارتفاع بر

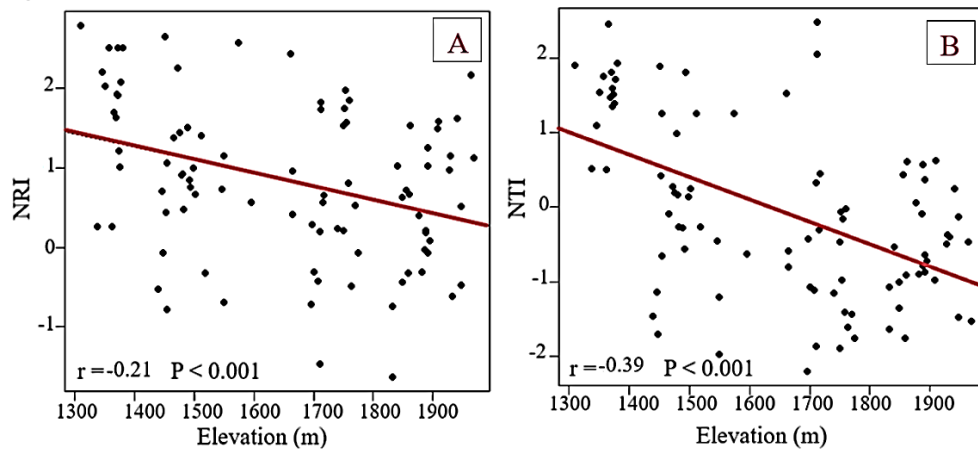
شبکه یا NRI و شاخص نزدیک‌ترین تاکسون یا NTI، دو شاخص فیلوژنتیکی مورد استفاده برای سنجش ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی هستند (۴۱). NRI در ارتباط با یک فیلوژنی از منبع ذخیره گونه‌ای است و خوشه‌بندی کلی و نزدیک به عمق درخت فیلوژنتیکی تاکسونها را بر روی درخت فیلوژنتیکی محاسبه می‌کند در حالی که NTI مستقل از خوشه‌بندی عمقی تاکسونها بوده و محدوده خوشه‌بندی انتهایی تاکسونها را محاسبه می‌کند (۴۱ و ۴۵). هم چنین برای اطلاعات بیشتر در ارتباط با شاخصها می‌توان به منبع ۳۶ مراجعه نمود). برای هر دو شاخص، مقادیر مثبت نشان‌دهنده حضور بیشتر گونه‌های گیاهی خویشاوند نزدیک در اجتماعات گیاهی نسبت به مقادیر پیش‌بینی شده از شانس دارد (یعنی خوشه‌بندی فیلوژنتیکی) و مقادیر منفی نشان‌دهنده حضور بیشتر گونه‌های گیاهی خویشاوند دور در اجتماعات گیاهی نسبت به مقادیر پیش‌بینی شده از شانس است (یعنی بیش‌پراکندگی فیلوژنتیکی) (۳۱ و ۳۶). شاخص‌های NRI و NTI به صورت زیر قابل اندازه‌گیری هستند:

$$NRI = -1 \times (MPD - MPD_{rand})/sd(MPD_{rand})$$

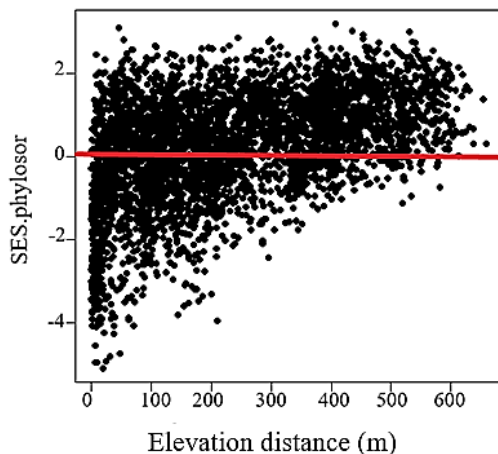
$$NTI = -1 \times (MNTD - MNTD_{rand})/sd(MNTD_{rand})$$

MPD اندازه‌گیری کلی از تنوع فیلوژنتیکی درون اجتماعات گیاهی را بیان می‌کند در حالی که MNTD فاصله بین نزدیک‌ترین همسایه‌های درون یک اجتماع محلی را اندازه‌گیری می‌کند.  $MPD_{rand}$  و  $MNTD_{rand}$  مقادیر میانگین MPD و MNTD از ۹۹۹ اجتماع گیاهی حاصل تصادفی‌سازی را نشان می‌دهند.  $sd(MPD_{rand})$  و  $sd(MNTD_{rand})$  بیان‌کننده مقادیر انحراف استاندارد از MPD و MNTD حاصل از ۹۹۹ اجتماع گیاهی حاصل تصادفی‌سازی است (۳۱). تصادفی‌سازی اجتماعات گیاهی با استفاده از الگوریتم *Independentswap* انجام شده است. این الگوریتم مجموع ردیف‌ها و ستون‌های ماتریس اجتماع را در تصادفی‌سازی حفظ می‌نماید و به عنوان بهترین الگوریتم برای تصادفی‌سازی ماتریس اجتماع

فیلوژنی غیر تصادفی بود (شکل ۳). به ویژه، بیش پراکندگی فیلوژنتیکی معنادار ( $p < 0/001$ ) در انتهای گرادیان ارتفاعی در هر دو شاخص فیلوژنتیکی مشهود است (شکل ۳). اگرچه همبستگی معنادار ارتفاع و دو شاخص فیلوژنتیکی NRI و NTI قابل ملاحظه است اما شاخص NTI میزان همبستگی بالاتری ( $r = -0/39, P < 0/001$ ) (شکل 3B) را با ارتفاع نسبت به NRI ( $r = -0/21, P < 0/001$ ) (شکل 3A) نشان داده است.



شکل ۳- تغییرات شاخص‌های تنوع آلفای فیلوژنتیکی (A) NRI و (B) NTI در گرادیان ارتفاع در بخش شرقی استان فلوری خراسان - کپه داغ.



شکل ۴- تغییر شاخص عدم تشابه فیلوژنتیکی SES.phylosor اجتماعات گیاهی در گرادیان ارتفاع در منطقه مورد مطالعه.

روی تنوع بتای فیلوژنتیکی از آزمون مانتل در پکیج "vegan" در نرم افزار R ver 3.2.5 استفاده شد (۲۸). همبستگی معنی‌دار تنوع بتای فیلوژنتیکی با فواصل محیطی نشان از تاثیر معنادار ارتفاع بر روی ساختارهای بوم‌شناختی از جمله تنوع فیلوژنتیکی دارد (۲۹).

## نتایج

ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی: ساختار فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی در راستای گرادیان ارتفاعی با احتساب

تنوع بتای فیلوژنتیکی در بین اجتماعات گیاهی: تنوع بتای فیلوژنتیکی اجتماعات گیاهی مقادیر بالاتر از میانگین مقادیر بدست آمده از اجتماعات گیاهی حاصل ۹۹۹ تصادفی سازی را نشان داد به گونه ای که تقریباً توسط مقادیر معنادار مثبت SES.phylosor (یعنی مقادیر بیش از 1/96) غالب شده اند (شکل ۴). عدم تشابه فیلوژنتیکی بین اجتماعات گیاهی به صورت معناداری در راستای گرادیان ارتفاعی افزایش یافته است به طوری که نسبت مقادیر بالا از شاخص عدم تشابه فیلوژنتیکی Phylosor در افزایش فواصل ارتفاعی یافت شد (شکل ۴). نتایج حاصل از آزمون مانتل تاثیر مهم و معنادار ارتفاع را بر روی عدم تشابه فیلوژنتیکی (یعنی مقادیر SES.phylosor) اجتماعات گیاهی نشان داد ( $r = 0/39, P < 0/001$ ) (جدول ۱).

جدول ۱- تغییر عدم تشابه فیلوژنتیکی قابل توضیح توسط فواصل ارتفاعی برای اجتماعات گیاهی با استفاده از ماننل تست روی ماتریس های فاصله.  $P^{***} < 0.001$

شاخص تنوع بنای فیلوژنتیکی	فواصل ارتفاعی
SES.phylosor	0.39***

## بحث و نتیجه گیری

بر اساس نتایج پژوهش حاضر، ساختار فیلوژنتیکی درون و بین اجتماعات گیاهی در راستای گرادیان ارتفاعی به صورت معناداری تغییر یافت. تغییرات در ساختار فیلوژنتیکی در جهت افزایش حضور آرایه‌های خویشاوند دور در اجتماعات گیاهی مستقر در ارتفاعات بالاتر (یعنی در شرایط سخت محیطی نظیر محیط‌های سرد) است. افزایش معنادار حضور آرایه‌های خویشاوند دور یعنی آرایه‌های متعلق به تیره‌ها و راسته‌های دور از هم نشان از الگوی بیش‌پراکندگی فیلوژنتیکی در اجتماعات گیاهی است (۴۱). چندین فرآیند می‌توانند الگوی بیش‌پراکندگی فیلوژنتیکی درون اجتماعات گیاهی را ایجاد کنند. محدودیت‌های محیطی، برهم‌کنش‌های زیستی و فرآیندهای تکاملی به عنوان فاکتورهای کلیدی می‌توانند از عوامل اصلی ایجاد الگوهای بیش‌پراکندگی فیلوژنتیکی در محیط‌های پرتنش باشند (۳۱). همبستگی معنادار بیشتر شاخص NTI با ارتفاع نسبت به NRI نشان از تکامل صفاتی نظیر تحمل به سرما در آرایه‌های قرار گرفته در سطوح نزدیک به انتهای درخت فیلوژنتیکی است (به دلیل آنکه شاخص NTI نسبت به شاخص NRI ساختارهای فیلوژنتیکی معنادار را در ارتباط با گروه‌های خواری نزدیک به انتهای درخت فیلوژنتیکی نشان می‌دهند) (۳۲). بنابراین می‌توان گفت مسئول ایجاد الگوهای بیش‌پراکندگی در اجتماعات گیاهی پرتنش در منطقه مورد مطالعه ما، آرایه‌های گیاهی سطوح انتهایی درخت فیلوژنتیکی هستند که تعلق به جنس‌ها و تیره‌های دور از نظر خویشاوندی

دارند (زیرا بیش‌پراکندگی معنادار در جهت حضور آرایه‌های خویشاوند دور ایجاد می‌گردد).

تأثیر برهم‌کنش‌های زیستی در منطقه مورد مطالعه به ویژه در اجتماعات گیاهی پرتنش از طریق معناداری الگوهای بیش‌پراکندگی قابل مشاهده است. بعضی از محققان بر این باورند که برهم‌کنش‌های زیستی از نوع رقابت از طریق محدودیت منابع در آرایه‌های خویشاوند نزدیک می‌تواند سبب افزایش حضور آرایه‌های خویشاوند دور در محیط‌های سرد و پرتنش (یعنی محیط‌های قرار گرفته در ارتفاعات بالاتر در منطقه به سبب کاهش چشمگیر در میانگین دمای سالانه و افزایش در میانگین بارش سالانه) باشد (۱، ۳ و ۵). هر چند در دهه اخیر افزایش مطالعات در زمینه نقش برهم‌کنش‌های زیستی در تشکیل اجتماعات گیاهی، لزوماً کنش‌های منفی را در ایجاد الگوهای بیش‌پراکندگی مهم نمی‌داند بلکه کنش‌های از نوع مثبت در بین آرایه‌های گیاهی نظیر تسهیل نیز در ایجاد این الگوها موثر هستند (۳، ۳۴ و ۳۹). در مطالعه گذشته از مرتع مورد مطالعه (۲۹)، تعامل بین رقابت و تسهیل در افزایش تنوع فیلوژنتیکی در راستای گرادیان ارتفاعی از طریق اعمال رقابت در بین بعضی جنس‌ها و گونه‌های گیاهی متعلق به تیره‌های Asteraceae، Caryophyllaceae، و Brassicaceae تسهیل در بین آرایه‌های خویشاوند دور نظیر تسهیل در بین بعضی آرایه‌های متعلق به زیررده دولپه‌ای‌ها و بعضی تیره‌ها از تک‌لپه‌ای‌ها مشخص شده است که سبب تغییر الگوهای خوشه‌بندی فیلوژنتیکی در ابتدای گرادیان به الگوهای بیش‌پراکندگی در انتهای گرادیان تنش شده است (۲۹). اگرچه نقش برهم‌کنش‌های زیستی در ایجاد ساختارهای فیلوژنتیکی معنادار ثابت شده است اما آن چه که معلوم است تعامل بین رقابت و تسهیل در راستای محدودیت‌های محیطی معنادار خواهند بود به طوری که در شرایط سخت و پرتنش محیطی گونه‌های گیاهی پرستار نظیر *Acanthophyllum diezianum* و *Acantholimon pterostegium* تسهیل رشد و بقای آرایه‌های گیاهی

گونه‌های گیاهی بالشتکی فرم در نقش گونه‌های پرستار در ارتفاعات بالاتر (۱۱) شاهدی مبنی بر نقش سایر عوامل محیطی و زیستی همسو با ارتفاع بر روی ساختارهای فیلوژنتیکی است. بنابراین ارتفاع به طور مستقیم با اعمال محدودیت‌های پراکندگی و به طور غیر مستقیم از طریق تنش‌های محیطی بر روی برهم‌کنش‌های زیستی و سایر عوامل محیطی ساختارهای فیلوژنتیکی معناداری ایجاد نموده است.

نتایج کسب شده در سطوح آلفا و بتای فیلوژنتیکی همسو با نتایج کسب شده در سایر مطالعات فیلوژنتیکی از این منطقه است (۲۸ و ۲۹). هر چند مطالعات گذشته با استفاده از توالی‌های چندین ژن بدست آمده‌اند و مطالعه پیش رو از طریق درخت‌های Phylomatic حاصل شده است. اگرچه بعضی از محققان به ناتوانی درخت‌های فیلوژنتیکی Phylomatic در حل روابط درون بعضی گروه‌های خاوه‌ری اشاره نموده‌اند اما نتایج همسوی کسب شده دلایل متعددی دارد (۷، ۸ و ۱۸). مهم‌ترین دلیل همسویی نتایج آن است که تغییر در ساختار فیلوژنتیکی در منطقه مورد مطالعه معطوف به تغییر در فراوانی و واژگردی آرایه‌های گیاهی متعلق به گروه‌های خاوه‌ری بزرگ (یعنی روابط درون تیره‌ها و راسته‌ها) است که چنین درختانی معمولاً قادر به حل روابط درون آن‌ها است. هر چند در مطالعه شاخص‌های حساس به سطوح مختلف واگرایی مغایرت‌هایی با سایر مطالعات وجود دارد به طوری که مطالعه پیش رو همبستگی معنادار کمتری را بین شاخص‌های حساس به سطوح انتهایی درخت فیلوژنتیکی با ارتفاع نشان داد (۳، ۲۸، ۲۹ و ۳۳). دلیل همبستگی کمتر نیز مربوط به قدرت تفکیک کمتر درختان phylomatic در حل روابط تاکسونومیک است (۹). هر چند با سنجش شاخص‌های فیلوژنتیکی در سطوح مختلف آلفا و بتا می‌توان ضعف موجود در درختان Phylomatic را کاهش داده و نتایج با کیفیت مناسب را از آن استخراج نمود (۹، ۲۰ و ۳۶). در جمع‌بندی می‌توان بیان کرد اگر ترکیب گونه‌ای

خویشاوند دور نظیر آرایه‌های متعلق به تیره‌های Poaceae را در کنار آرایه‌های متعلق به تیره‌های Asteraceae و Fabaceae بر عهده دارند در حالی که در میانه‌گردیان تنش تنها رقابت در بین گونه‌های متعلق به بعضی جنس‌ها نظیر *Astragalus*، *Allium*، *Cousinia*، *Rosa*، *Alyssum* قابل مشاهده خواهد بود (۲۲، ۲۹، ۳۰ و ۳۳). بنابراین می‌توان ذکر کرد تعامل بین برهم‌کنش‌های زیستی و تنش‌های محیطی ساختارهای بوم‌شناختی معنادار را در مرتع مورد مطالعه ایجاد نموده‌اند.

تغییر معنادار ساختار فیلوژنتیکی در بین اجتماعات گیاهی (یعنی SES.phylosor) در راستای گردیان ارتفاعی نشان از تاثیر تنش‌های محیطی در تشکیل چنین ساختارهایی دارد (۴۴). همبستگی قوی شاخص SES.phylosor با ارتفاع نشان از حفظ صفات مرتبط با تنش‌های محیطی (یعنی صفت تحمل به سرما) در بخش‌های پایه‌ای درخت فیلوژنتیکی (یعنی گروه بازدانگان در مقابل نهاندانگان) است (۱۸ و ۴۵). بنابراین واژگردی معنادار توسط حضور آرایه‌های متعلق به رده بازدانگان (یعنی آرایه‌های دارای صفات تحمل‌کننده به سرما) در کنار حضور بعضی از آرایه‌ها از گروه‌های خاوه‌ری نزدیک به انتهای فیلوژنی که صفات تحمل‌کننده تنش‌های محیطی را دارند ایجاد شده است (۱۷). مشاهده چنین واژگردی‌های معناداری در راستای افزایش فواصل محیطی ناشی از فعالیت فرآیندهای مرتبط با نیچ و پراکندگی آرایه‌های گیاهی است (۲۰). این احتمال وجود دارد که ارتفاع به عنوان مهم‌ترین فاکتور ناهمگن توپوگرافی در اکوسیستم‌های کوهستانی، علاوه بر نمود تغییرات اقلیمی وسیع در محدوده کوچکی از گردیان خود، محدودیت‌های پراکندگی برای بعضی گروه‌های فیلوژنتیکی ایجاد می‌کند (۲۲ و ۲۷). ارتفاع علاوه بر ایجاد ناهمگنی مکانی و محدودیت‌های پراکندگی، بر روی سایر فاکتورهای محیطی و زیستی نیز موثر است (۲۷). برای مثال، زون‌بندی مکانی فاکتورهای خاکی در جهت تغییرات ارتفاع در مناطق کوهستانی (۲۱) و حضور بیشتر



از پوشش گیاهی ضروری است (۱۳، ۱۹، ۳۳، ۳۶). لذا معرفی روش‌های کم‌هزینه‌تر و مقایسه آن‌ها با سایر روش‌ها بمنظور انجام بیشتر چنین مطالعاتی بر روی پوشش گیاهی می‌تواند بسیار مفید باشد.

### سپاسگزاری

این مقاله برگرفته از طرح پژوهشی شماره سه دانشگاه فردوسی مشهد با کد ۳/۴۱۵۷۲ است. نویسندگان از حمایت مالی حوزه معاونت پژوهش و فناوری دانشگاه فردوسی مشهد، سپاسگزاری می‌نمایند.

اجتماعات گیاهی بیشتر متکی به واژگردی در بین گروه‌های خواهری بزرگ باشد در آن صورت درختان فیلوژنتیکی با قدرت تفکیک کمتر در حل روابط تاکسونومیک می‌توانند ارزیابی صحیحی از فرآیندها داشته باشند. این موضوع می‌تواند مهم باشد زیرا مطالعه ساختارهای فیلوژنتیکی در جهان و به خصوص در ایران به سبب هزینه‌های گزاف تعیین توالی‌های ژنی، معمولاً بسیار به ندرت انجام می‌شود. از طرفی مطالعه ساختارهای فیلوژنتیکی به عنوان یک بعد از تنوع‌زیستی که ابعاد دیگر تنوع نظیر تنوع گونه‌ای و عملکردی را پوشش می‌دهد در حفاظت از تنوع زیستی و مدیریت بهره‌برداری و حفاظت

### منابع

- ۱- میرهاشمی، ه.، پور بابائی، ح. و مزبانی، آ. ۱۳۹۷. تاثیر ارتفاع از سطح دریا بر تنوع و اهمیت نسبی (SIV) گونه‌های علفی در جنگل‌های کبیر کوه، استان ایلام. پژوهش‌های گیاهی. (۰). pp-
- ۲- سخنور، ف.، اجتهادی، ح.، واعظی، ج.، معاریانی، ف. ۱۳۹۵. بررسی تنوع گونه‌ای گیاهی و برخی عوامل موثر بر آن در منطقه حفاظت شده هلالی، استان خراسان رضوی. ۲۹ (۴): ۷۹۴-۸۰۴.
- 3- Butterfield, B.J., Cavieres, L.A., Callaway, R.M., Cook, B.J., Kikvidze, Z., Lortie, C.J. et al. 2013. Alpine cushion plants inhibit loss of phylogenetic diversity in severe environments. *Ecol Lett.* 16: 478–486.
- 4- Cavender-Bares, J., Keen, A., and Miles, B. 2006. Phylogenetic Structure of Floridian Plant Communities Depends on Taxonomic and Spatial Scale. *Ecology*, 87: S109-S122.
- 5- Cavender-Bares, J., Kozak, K., Fine, P., Kembel, S. 2009. The merging of community ecology and phylogenetic biology. *Ecol Lett.* 12: 693–715.
- 6- Cavieres, L.A., Brooker, R.W., Butterfield, B.J., Cook, B.J., Kikvidz, Z., Lortie, C.J. et al. 2002. Positive interactions among alpine plants increase with stress. *Nature*, 417: 844–848.
- 7- Chase, J. M., Biro, E. G., Ryberg, W. A., & Smith, K. G. 2009. Predators temper the relative importance of stochastic processes in the assembly of prey communities. *Ecol Lett*, 12, 1210–1218. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2009.01362.x>
- 8- Chun, J.H., Lee, C.B. 2017. Disentangling the local-scale drivers of taxonomic, phylogenetic and functional diversity in woody plant assemblages along elevational gradients in South Korea. *PLoS ONE*, 12(10): e0185763.
- 9- De Bello, F. 2012. The quest for trait convergence and divergence in community assembly: are null- models the magic wand? *Glob Ecol Biog*, 21: 312–317. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2011.00682.x>
- 10- Eiserhardt, W.L., Svenning, J.C., Baker, W.J., Couvreur, T.L.P., Balslev, H. 2013. Dispersal and niche evolution jointly shape the geographic turnover of phylogenetic clades across continents. *Scientific reports*, 3:1164.
- 11- Farzam, M., Ejtehad, H. 2016. Effects of drought and canopy facilitation on plant diversity and abundance in a semiarid mountainous rangeland. *J Plant Ecol*, 1-10.
- 12- Fournier, B., Mouly, A., Moretti, M., Gillet, F. 2017. Contrasting processes drive alpha and beta taxonomic, functional and phylogenetic diversity of orthopteran communities in grasslands. *Agr Ecosyst Environ*, 242:43–52.
- 13- Gianuca, A.T., Declerck, S.A.J., Cadotte, M.W. et al. 2016a. Integrating trait and phylogenetic distances to assess scale-dependent community assembly processes. *Ecography*.
- 14- Graham, C. H., and Fine, P. V. A. 2008. Phylogenetic beta diversity: Linking ecological and evolutionary processes across space in time. *Ecol Lett*, 11,1265–1277.

- 15- Hijmans, R.J., Cameron, S.E., Parra, J.L., et al. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *Int. J Climat*, 25: 1965-1978.
- 16- Hubbell, S.P. 2001. *The unified neutral theory of biodiversity and biogeography*. Princeton, NJ: Princeton University Press.
- 17- Iyengar, S.B., Bagchi, S., Barua, D., Mishra, C.H., and Sancaran, M. 2017. A dominant dwarf shrub increases diversity of herbaceous plant communities in a Trans-Himalayan rangeland. *Plant Ecol*, <https://doi.org/10.1007/s11258-017-0734-x>
- 18- Jin, L.S., Cadotte, M.W., Fortin, M.J. 2015. Phylogenetic turnover patterns consistent with niche conservatism in montane plant species. *J Ecol*, 103, 742–749.
- 19- Kembel, S. W., Cowan, P. D., Helmus, M. R., Cornwell, W. K., Morlon, H., Ackerly, D. D., ... Webb, C. O. 2010. Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics*, 26, 1463–1464. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq166>
- 20- Kraft, N.J.B., Ackerly, D.D. 2014. Assembly of plant communities. In R. K. Monson (Ed.), *Ecology and the environment, the plant sciences* (Vol. 8, pp.6788) New York,
- 21- Lopez-Angulo, J., Swenson, N. G., & Cavieres, L. A. 2018. Interactions between abiotic gradients determine functional and phylogenetic diversity patterns in Mediterranean type climate mountains in the Andes. *J Veg Sci*, 29(2), 245–254.
- 22- Luiz, A.M., Leao-Pires, T.A., Sawaya, R.J. 2016. Geomorphology Drives Amphibian Beta Diversity in Atlantic Forest Lowlands of Southeastern Brazil. *Plos One*, 11(5): e0153977.
- 23- Mazel, F., Davies, T.J., Gallien, L., Renau, J., Groussin, M., Munkemuller, T., Thuiller, W. 2016. Influence of tree shape and evolutionary time- scale on phylogenetic diversity metrics. *Ecogr*, 39, 913–920.
- 24- Memariani, F., Akhiani, H., Joharchi, M.R. 2016b. Endemic plants of Khorassan-Kopet Dagh floristic province in Irano-Turanian region: diversity, distribution patterns and conservation status. *Phytotaxa*, 249 (1): 031–117.
- 25- Memariani, F., et al. 2016a. A review of plant diversity, vegetation and phytogeography of the Khorassan-Kopet Dagh floristic province in the Irano-Turanian region (northeastern Iran – southern Turkmenistan). *Phytotaxa*, 249 (1): 8–30.
- 26- Mo, X.X., Shi, L.L., Zhang, Y.J., Zhu, H., Slik, J.W.F. 2013. Change in phylogenetic community structure during succession of traditionally managed tropical rainforest in Southwest China. *PLoS ONE*, 8(7): e71464
- 27- Moura, M.R., Villalobos, F., Costa, G.C., Garcia, P.C.A. 2016. Disentangling the Role of Climate, Topography and Vegetation in Species Richness Gradients. *Plos One*, 11(3): e0152468.
- 28- Pashirzad, M., Ejtehadi, H., Vaezi, J., Shefferson, R.P. 2018 Spatial scale-dependent phylogenetic signal in species distributions along geographic and elevation gradients in a mountainous rangeland. *Ecol Evol* 00:1–11. <https://doi.org/10.1002/ece3.4293>
- 29- Pashirzad, M., Ejtehadi, H., Vaezi, J., Shefferson, R.P. 2019. Plant-plant interactions influence phylogenetic diversity at multiple spatial scales in a mountain semi-arid rangeland. *Oecol*,
- 30- Pellissier, L., Alvarez, N., Espindola, A., Pottier, J., Dubuis, A., Pradervand, J. N., & Guisan, A. 2013. Phylogenetic alpha and beta diversities of butterfly communities correlate with climate in the western Swiss Alps. *Ecography*, 36, 541–550. <https://doi.org/10.1111/1/j.1600-0587.2012.07716>
- 31- Qian, H., and Jiang, L. 2014. Phylogenetic community ecology, integrating of community ecology and evolutionary biology. *J Plant Ecol*, 7(2), 97–100. <https://doi.org/10.1093/jpe/rtt077>
- 32- Qian, H., Chen, S. H., and Zhang, J. L. 2017. Disentangling environmental and spatial effects on phylogenetic structure of angiosperm tree communities in China. *Sci Rep*, 7, 5864.
- 33- Soliveres, S., Torices, R., Maestre, F. 2012. Environmental conditions and biotic interactions acting together promote phylogenetic randomness in semiarid plant communities: new methods help to avoid misleading conclusions. *J Veg Sci*, 23: 822–836
- 34- Stein, A., Gerstner, K., Kreft, H. 2014. Environmental heterogeneity as a universal driver of species richness across taxa, biomes and spatial scales. *Ecol Lett*, 17(7), 866–880.
- 35- Swenson, N.G. 2014. *Functional Phylogenetic Ecology* in R. Springer New York Heidelberg Dordrecht London.
- 36- Swenson, N.G., Erickson, D.L., Mi, X., et al. 2012. Phylogenetic and functional alpha and

- beta diversity in temperate and tropical tree communities. *Ecology*, 93: S112-S125.
- 37- Swenson, N.G., Enquist, B.J., Pither, J., Thompson, J., Zimmerman, J.K. 2006. The problem and promise of scale dependency in community phylogenetics. *Ecology*, 87, 2418–2424
- 38- Valiente-Banuet, A., and Verdú, M. 2013. Plant facilitation and phylogenetics. *Ann Rev Ecol Evol Syst*, 44(25):1–25
- 39- Webb, C.O., Ackerly, D.D., Kembel, S.W. 2008. Phylocom: software for the analysis of phylogenetic community structure and trait evolution. *Bioinformatics*, 24:2098-2100
- 40- Webb, C.O., Ackerly, D.D., McPeck, M.A., Donoghue, M.J. 2002. Phylogenies and community ecology. *Ann Rev Ecol Syst*, 33: 475–505.
- 41- Webb, C.O., Donoghue, M.J. 2005. Phylomatic: Tree assembly for applied phylogenetics. *Mol Ecol Notes*, 5, 181–183. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00829.x>
- 42- Wikstrom, N., Savolainen, V., & Chase, M. W. 2004. Angiosperm divergence times: Congruence and incongruence between fossils and sequence divergence estimates. In P. C. J. Donoghue & M. P. Smith (Eds.), *Telling the evolutionary time: Molecular clocks and the fossil record* (Vol.66, pp. 142–165). London, UK: Taylor & Francis, Systematics Association Special.
- 43- Yang, J., Swenson, N. J., Zhang, G., Ci, X., Cao, M., Sha, L., ... Lin, L. 2015. Local-scale partitioning of functional and phylogenetic beta diversity in a tropical tree assemblage. *Scientific Reports*, 5, 12731. <https://doi.org/10.1038/srep12731>
- 44- Zhang, J. L., Swenson, N. J., Chen, S. B., Liu, X.-J., Li, Z.-S., Huang, J.H., ... Ma, K.-P. 2013. Phylogenetic beta diversity in tropical forests: Implications for the roles of geographical and environmental distance. *J Syst Evol*, 51, 71–85.

## Phylogenetic overdispersion of plant communities along elevation gradient in a mountain rangeland of southern part of Khorassan-Kopet Dagh floristic province

Pashirzad M.<sup>1</sup>, Ejtehadi H.<sup>1</sup>, Vaezi J.<sup>1</sup> and Shefferson R.P.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Quantitative Plant Ecology and Biodiversity Research lab, Faculty of Science, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, I.R. of Iran.

<sup>2</sup> General Systems for Environmental Sciences, Faculty of Art and Sciences, Tokyo, Japan

### Abstract

Understanding the mechanisms shaping plant communities is a challenge in community ecology. Recently, including the molecular phylogenies into ecological researches may resolve this challenge. However, such studies are still poor in rangeland ecosystems. Therefore, the aim of this study is evaluation of community assembly processes relating to variation in phylogenetic community structure along elevational gradient at 2500 ha. of mountainous rangelands located in southern part of Khorassan-Kopet Dagh floristic province. Therefore, phylogenetic structure and turnover of 91 plant communities were calculated using basal and terminal indices including NRI, NTI and Phylosor. We used the program *Phylomatic* to build a phylogenetic supertree for the available plant species in the study area. Branch lengths were estimated using the BLADJ algorithm based on family ages in a dated version of *megatree* implemented in *Phylomatic*. We use linear regression to study the changes of the phylogenetic indices along the elevation. The results revealed significant variation in phylogenetic community structure from phylogenetically clustering to more phylogenetically overdispersed at higher elevation, which can be resulted from competition among close relatives and facilitation among distantly related taxa. Phylogenetic beta diversity index represented increasing of terminal phylogenetic dissimilarity with elevation that can indicate the important role of elevation on dispersal limitation of some taxa across niche limitation. Therefore, elevation was significant factor in operating the niche based processes and those related to dispersal of taxa on variation in phylogenetic community structure in the area.

**Key words:** Phylogenetic structure, Phylogenetic turnover, Community assembly, Niche limitation, Dispersal limitation