



پژوهش در آموزش علوم تجربی

شاپا الکترونیکی: ۳۶۴۵-۳۶۴۹

Home Page: <https://basicscience.cfu.ac.ir>



رده‌بندی جانوران با رویکرد عددی: مطالعه موردی از گوناگونی جانداران در کتاب علوم

تجربی پایه نهم

حسین فراست^{*۱}

۱. گروه آموزش زیست شناسی، دانشگاه فرهنگیان، صندوق پستی ۸۸۹-۱۴۶۶۵، تهران، ایران.

* نویسنده مسئول: (H.Farasat@cfu.ac.ir)

چکیده

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:

مقاله پژوهشی

تاریخچه مقاله:

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۶/۰۱

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۰۹/۱۹

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۲۲

تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۰۹/۲۸

کلیدواژه‌ها:

آموزش زیست شناسی،

رده بندی،

روش عددی،

فئوگرام،

گوناگونی جانداران.

هدف از پژوهش ارائه یک مدل از رده بندی جانداران در آموزش زیست شناسی می باشد. روش این پژوهش از نوع تحلیلی و استنباطی با استفاده از داده های مورفولوژیکی در تعیین روابط و رده بندی عددی و محاسبه ماتریس فاصله منتهاتان بین گونه ها و استفاده از روش اتصال به همسایه جهت ترسیم درخت فنوگرام به صورت دسنی با انجام محاسبات و بدون استفاده از نرم افزار می باشد. جامعه آماری شامل مبحث فصل یازدهم از کتاب علوم تجربی نهم دوره اول متوسطه با عنوان گوناگونی جانداران می باشد، و داده های مورفولوژیکی از تحلیل نمونه های ارائه شده در تصاویر کتاب استخراج شدند. نتایج این پژوهش نشان می دهد، با استفاده از روش های عددی مبتنی بر الگوریتم های ریاضی و آماری می توان الگوی روشنی از روابط فنوتیپی میان بی مهرگان مورد مطالعه را ارائه داد و اظهار کرد که اطلاعات مورفولوژیک قادر است ساختارهای کلی روابط تکاملی را بازتاب دهد. فنوگرام حاصل از این پژوهش نشان می دهد که روش های طبقه بندی عددی می توانند ابزار ارزشمندی برای تحلیل روابط میان گروه های جانوری باشند، به ویژه هنگامی که داده های مولکولی دسترس پذیر نیستند. با این حال، برای دستیابی به درک کامل تر از روابط تکاملی، ترکیب این روش با داده های ژنتیکی، رفتاری و اکولوژیک می تواند راهبردی کارآمدتر و جامع تر باشد. بر اساس این مطالعه، گنجانیدن مباحث گوناگونی جانداران با تأکید بر گونه های بومی در کتاب های درسی و توجه دادن دانش آموزان به اهمیت های اکولوژیکی، روابط بین موجودات زنده و شناسایی واحدهای تکاملی مستقل می تواند به برنامه ریزی حفاظتی کمک می کنند. در هر حال، نتایج این پژوهش حاکی از آن است که ارائه مدل های استنباطی علمی می تواند در درک فاصله جانوران مطالعه و ارتقاء مهارت های علمی معلمان زیست شناسی ضروری است.

استناد: فراست، حسین (۱۴۰۴). رده بندی جانوران با رویکرد عددی: مطالعه موردی از گوناگونی جانداران در کتاب علوم تجربی پایه نهم. پژوهش در آموزش علوم

تجربی، ۱۱ (۴۰)، ۷۷-۷۰.

<http://doi.org/10.48310/basic.2026.20617.1553>



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه فرهنگیان.

۱. مقدمه

مبحث گوناگونی جانداران یکی از پایه‌های اساسی در آموزش زیست‌شناسی و علوم تجربی است که در کتاب‌های درسی به دلایل متعددی مورد تأکید قرار می‌گیرد. موضوعات کلی در مباحث گوناگونی جانداران شامل بررسی انواع گونه‌های جانداران و اهمیت حفظ آنها، آشنایی با روش‌های طبقه‌بندی علمی جانداران، بررسی ویژگی‌های هر گروه از جانداران و تفاوت‌های آنها و نقش تکامل در ایجاد گوناگونی جانداران می‌باشد. این موضوعات نه تنها دانش آموزان را با جهان زنده آشنا می‌کند، بلکه بینشی عمیق درباره اهمیت حفظ محیط زیست و نقش انسان در اکوسیستم را ارائه می‌دهد.

گوناگونی جانداران به معنای تنوع حیات در تمام سطوح، از ژن‌ها تا اکوسیستم‌ها است. این مفهوم در تعامل نزدیک با طبقه‌بندی و فیلوژنی قرار دارد. در طبقه‌بندی، جانداران را بر اساس ویژگی‌های مشترک گروه بندی می‌کند، در حالی که فیلوژنی، روابط تکاملی بین آنها را بررسی می‌کند. ترکیب این دو رویکرد، درک عمیق‌تری از منشأ و تحول گوناگونی جانداران ارائه می‌دهد (هیکن^۱، ۲۰۲۰).

آشنایی با روش‌های کاربردی رده‌بندی جانداران با استفاده از صفات ریختی زمینه را برای رده‌بندی دقیق تر فراهم می‌کند. رده‌بندی با روش‌های عددی، یک ابزار قدرتمند برای رمزگشایی تاریخیچه تکاملی جانوران است. با پیشرفت فناوری‌های توالی‌یابی و الگوریتم‌های محاسباتی، این حوزه به سرعت در حال توسعه است و افق‌های جدیدی را در زیست‌شناسی تکاملی و سیستماتیک گشوده است (فوتویاما^۲، ۲۰۱۷). رده بندی به فرایند بازسازی روابط تکاملی (بین گونه‌ها یا ژن‌ها بر اساس داده‌های مولکولی، ریخت‌شناسی یا دیگر انواع داده‌ها اشاره دارد. روش‌های عددی در این زمینه، الگوریتم‌های محاسباتی و آماری هستند که برای تحلیل داده‌ها و ساخت درختان استفاده می‌شوند. برخی از روش‌های اصلی عبارتند از بیشینه پارسیمونی^۳ که در آن درختی را انتخاب می‌کند که کمترین تعداد تغییرات تکاملی را برای توضیح داده‌ها نیاز داشته باشد. این روش برای مجموعه داده‌های کوچک و با تغییرات کم مناسب است (فلسنستین^۴، ۲۰۰۴). بیشینه احتمال^۵ که در این روش درختی انتخاب می‌شود که شانس به دست آمدن داده‌های مشاهده شده بیشتر از هر درخت دیگری باشد. این روش دقیق، اما محاسباتی سنگین دارد (یانگ^۶، ۱۹۹۴). روش بیسین^۷ که یک چارچوب احتمالاتی جامع برای بازسازی روابط تکاملی بر اساس داده‌ها و پیش‌فرض‌های مدل را فراهم می‌کند (رونکوئیست و هوئلسنبک^۸، ۲۰۰۳). روش‌های فاصله^۹ با استفاده از ماتریس فاصله بین گونه‌ها را محاسبه و درخت را بر اساس آن می‌سازند. روش اتصال به همسایه^{۱۰} یک نمونه محبوب است که درختی با کمترین طول کل شاخه‌ها تولید می‌کند (سایتو و نی^{۱۱}، ۱۹۸۷). هدف از پژوهش پیش رو ارائه یک مدل از رده بندی جانداران برای استفاده دانشجو معلمان در آموزش رده بندی موضوعی در مباحث گوناگونی جانداران می‌باشد. سوالات اصلی این مطالعه عبارتند: چگونه می‌توان با استفاده از داده‌های مورفولوژیکی جانداران، آنها را رده بندی کرد؟ از چه صفاتی می‌توان برای رده بندی جانداران استفاده نمود؟ چگونه می‌توان از صفات کیفی در رده بندی اسفاده کرد؟ حالت‌های مختلف صفات در رده‌بندی چگونه مشخص و مورد استفاده قرار می‌گیرد؟

¹ Hickman et al

² Futuyma

³ Maximum Parsimony

⁴ Felsenstein

⁵ Maximum Likelihood

⁶ Yang

⁷ Bayesian Inference

⁸ Ronquist & Huelsenbeck

⁹ Distance Methods

¹⁰ Neighbor-Joining

¹¹ Saitou & Nei

۲. پیشینه پژوهش

رده‌بندی عددی جانوران به عنوان یک روش کمی در سیستماتیک، به دهه‌های میانی قرن بیستم باز می‌گردد. این رویکرد با استفاده از روش‌های آماری و ریاضی، شباهت‌ها و تفاوت‌های بین گونه‌ها را بر پایه مجموعه‌هایی از ویژگی‌های مورفولوژیک، فیزیولوژیک یا مولکولی اندازه‌گیری می‌کند. تاکسونومی عددی در جانورشناسی با پیشرفت‌های چشمگیر در فناوری‌های مولکولی، محاسباتی و آماری متحول شده است. ادغام روش‌های سنتی با داده‌های ژنومی، الگوریتم‌های پیشرفته و رویکردهای چند متغیره برای تحلیل روابط تکاملی و رده‌بندی دقیق‌تر گونه‌ها فراهم شد (هربرت و همکاران^۱، ۲۰۰۳؛ تابرت و همکاران^۲، ۲۰۱۲). در مطالعات بیوژئوگراف برای تحلیل الگوهای پراکنش جغرافیایی از روش‌های خوشه‌بندی عددی استفاده می‌شود (لومولینو^۳، ۲۰۱۷). بررسی تاریخی رده‌بندی عددی و نقش آن در شکل‌گیری بیوانفورماتیک مدرن مورد ارزیابی قرار گرفت (پودانی^۴، ۲۰۱۷). مقاله تأکید دارد که رده‌بندی عددی در گیاهشناسی اغلب با مقاومت بیشتری مواجه شد، در حالی که در جانورشناسی به سرعت به عنوان ابزاری برای حل مسائل پیچیده فیلوژنتیک پذیرفته شد. در مقاله ذکر شده همچنین نقدی بر تمرکز بیش از حد رده‌بندی عددی بر "شباهت‌های آماری" بدون در نظر گرفتن مکانیسم‌های تکاملی دارد.

۳. روش‌شناسی پژوهش

روش این پژوهش، تحلیلی-کاربردی است که با هدف رده‌بندی گونه‌ها و بر پایه محاسبه ماتریس فاصله بین گونه‌ها و استفاده از روش اتصال به همسایه جهت ترسیم درخت فنوگرام به صورت دسنی با انجام محاسبات و بدون استفاده از نرم افزار انجام می‌شود. ماتریس فاصله یا شباهت با استفاده از فرمول فاصله مانهاتان از مجموع قدر مطلق اختلاف هر یک از صفات مربوط به دو جاندار که با هم مقایسه می‌شوند حاصل می‌شود. جامعه آماری شامل مبحث فصل یازدهم از کتاب علوم تجربی نهم دوره اول متوسطه با عنوان گوناگونی جانداران با تأکید بر فعالیت صفحه ۱۲۳ می‌باشد (شکل ۱). در این فعالیت جانوران مشخص آورده شده است و از دانش‌آموزان خواسته شده تا بر اساس ویژگی ظاهری جانوران مشخص شده آنها را رده‌بندی کنند.



شکل ۱. گروهی از جانوران فرضی ذکر شده در فعالیت صفحه ۱۲۳ کتاب علوم تجربی نهم دوره اول متوسطه.

در این پژوهش مراحل رده‌بندی با روش عددی برای جانوران فرضی به صورت زیر مورد ارزیابی قرار گرفته است:

۱- تعریف و تعیین حالات صفات

۲- رسم جدول ماتریس صفات جانوران مورد مطالعه

¹ Hebert et al.

² Taberlet et al.

³ Lomolino et al.

⁴ Podani

۳- رسم جدول ماتریس شباهت: فاصله مانهاتان بر اساس فرمول $D(A,B) = \sum_{i=1}^n |A_i - B_i|$

۴- مرتب کردن جدول ماتریس شباهت

۵- خوشه‌بندی سلسله مراتبی

خوشه‌بندی سلسله مراتبی با استفاده از میانگین حسابی و از روش نزدیک ترین همسایه استفاده شد. به گونه ای که هر موجود در یک خوشه جداگانه قرار گرفته و سپس ادغام خوشه‌ها انجام می شود به گونه ای که در هر مرحله، دو خوشه‌ای که کمترین فاصله را دارند، ادغام می‌شوند و این کار تا زمانی که همه موجودات در یک خوشه قرار گیرند ادامه می‌یابد.

۴. یافته های پژوهش

بر اساس روش پژوهش در جدول ۱، ۱۲ نوع صفات تعیین و حالات مختلف صفات برای جانوران مورد نظر به صورت زیر مشخص شد.

جدول ۱. تعریف و تعیین حالات صفات و کد اختصاری (برای صفات کیفی)

ردیف	صفت	حالات و کد صفت
۱	تعداد چشم	۰ و ۲
۲	تعداد بال	۲ و ۴
۳	وجود صدف	۰ و ۱
۴	وضعیت زندگی	خشکی=۱، درون خاک=۲
۵	وضعیت تغذیه	گیاهخوار=۱، گوشتخوار=۲، همه چیزخوار=۳
۶	دم نیش دار	۰ و ۱
۷	تعداد پا	۰ و ۶ و ۸
۸	تعداد قطعات بدن	۱ و ۲ و ۳ و بیش از ۳ قطعه = ۴
۹	میانگین وزن بدن	بر حسب گرم
۱۰	داشتن زندگی اجتماعی	دارد = ۱، ندارد = ۰
۱۱	اسکلت خارجی	دارد = ۱، ندارد = ۰
۱۲	چگونگی حرکت	خزیدن=۱، پرواز=۲، راه رفتن=۳

با توجه به جدول ۲، جدول ماتریس صفات جانوران مورد مطالعه به صورت زیر مشخص گردید.

جدول ۲. تعریف و تعیین حالات صفات و کد اختصاری (برای صفات کیفی)

	صفت	حلزون	زنبور	سوسک	عقرب	کرم خاکی	مورچه	مگس
۱	تعداد چشم	۲	۲	۲	۲	۰	۲	۲
۲	تعداد بال	۰	۴	۴	۰	۰	۰	۲
۳	وجود صدف	۱	۰	۰	۰	۰	۰	۰
۴	محل زندگی	۱	۱	۱	۱	۲	۱	۱
۵	وضعیت تغذیه	۱	۳	۳	۲	۱	۳	۳
۶	نیش انتهایی بدن	۰	۱	۰	۱	۰	۰	۰
۷	تعداد پا	۰	۶	۶	۸	۰	۶	۶
۸	تعداد قطعات بدن	۱	۳	۳	۲	۴	۳	۳
۹	میانگین وزن بدن (گرم)	۵	۰/۱	۰/۲	۱۰	۰/۵	۰/۰۱	۰/۰۲
۱۰	داشتن زندگی اجتماعی	۰	۱	۰	۰	۰	۱	۰
۱۱	اسکلت خارجی	۱	۱	۱	۱	۰	۱	۱
۱۲	چگونگی حرکت	۱	۲	۳	۳	۱	۳	۲

تعیین جدول ماتریس فاصله یا شباهت با استفاده از فرمول فاصله مانهاتان به این صورت حاصل می‌شود: مجموع قدر مطلق اختلاف هر یک از صفات مربوط به دو جاننداری که با هم مقایسه می‌شوند و در جدولی که در اضلاع آن جانوران مورد مطالعه ردیف شده‌اند وارد می‌شوند (جدول ۳).

جدول ۳. ماتریس شباهت: فاصله مانهاتان جانوران مورد مطالعه

مگس	مورچه	کرم خاکی	عقرب	سوسک	زنبور	حلزون	
۲۰/۰۲	۲۱/۰۱	۱۰/۵	۲۰/۵	۲۱/۲	۲۲/۹	۰	حلزون
۲/۰۲	۳/۰۱	۲۰/۴	۱۱/۱	۳/۱	۰	۲۲/۹	زنبور
۲/۰۲	۱/۰۱	۱۹/۵	۱۱/۲	۰	۳/۱	۲۱/۲	سوسک
۱۱/۰۲	۱۱/۰۱	۲۰/۵	۰	۱۱/۲	۱۱/۱	۲۰/۵	عقرب
۱۸/۵۲	۱۹/۵۱	۰	۲۰/۵	۱۹/۵	۲۰/۴	۱۰/۵	کرم خاکی
۱/۰۱	۰	۱۹/۵۱	۱۱/۰۱	۱/۰۲	۳/۰۱	۲۱/۰۱	مورچه
۰	۱/۰۱	۱۸/۵۲	۱۱/۰۲	۲/۰۲	۲/۰۲	۲۰/۰۲	مگس

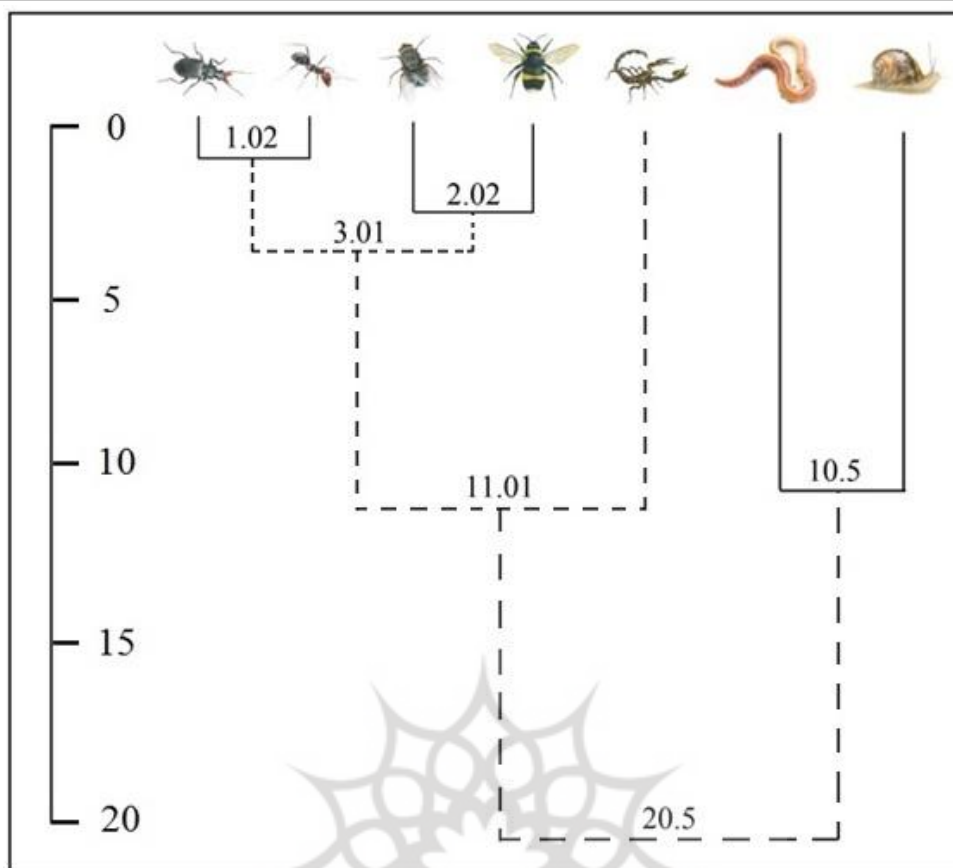
برای مرتب کردن جدول ماتریس شباهت، تاکسون‌هایی که کمترین عدد را به خود اختصاص داده‌اند را در ابتدا نوشته و به همین طریق بقیه تاکسون‌ها مرتب می‌شوند (جدول ۴).

جدول ۴. ماتریس شباهت: فاصله مانهاتان که بر اساس شباهت مرتب شده است.

حلزون	کرم خاکی	عقرب	زنبور	مگس	مورچه	سوسک	
۲۱/۲	۱۹/۵	۱۱/۲	۳/۱	۲/۰۲	۱/۰۲	۰	سوسک
۲۱/۰۱	۱۹/۵۱	۱۱/۰۱	۳/۰۱	۱/۰۱	۰	۱/۰۲	مورچه
۲۰/۰۲	۱۸/۵۲	۱۱/۰۲	۲/۰۲	۰	۱/۰۱	۲/۰۲	مگس
۲۲/۹	۲۰/۴	۱۱/۱	۰	۲/۰۲	۳/۰۱	۳/۱	زنبور
۲۰/۵	۲۰/۵	۰	۱۱/۱	۱۱/۰۲	۱۱/۰۱	۱۱/۲	عقرب
۱۰/۵	۰	۲۰/۵	۲۰/۴	۱۸/۵۲	۱۹/۵۱	۱۹/۵	کرم خاکی
۰	۱۰/۵	۲۰/۵	۲۲/۹	۲۰/۰۲	۲۱/۰۱	۲۱/۲	حلزون

خوشه‌بندی سلسله مراتبی با استفاده از میانگین حسابی و از روش پیوستن به همسایه استفاده شد. خوشه‌های اولیه همیشه دو شاخه و شامل دو تاکسون هستند و از طریق کوچک‌ترین عدد در ماتریس مرتب شده پیدا می‌شوند. تعیین خوشه‌های ثانویه شامل بیش از دو تاکسون است اما فقط می‌تواند دارای یک خوشه اولیه باشد. تعیین خوشه‌های ثالث می‌تواند با اتصال خوشه‌های ثانویه حاصل شود. به طور کلی دندروگرام حاصل از خوشه‌بندی به صورت زیر حاصل شد (شکل ۲).

مطابق با شکل ۲ در نتیجه ادغام نزدیک‌ترین همسایه‌ها خوشه‌های اولیه شامل بین سوسک و مورچه با فاصله ۱/۰۲، بین مگس و زنبور با فاصله ۲/۰۲ و بین کرم خاکی و حلزون با فاصله ۱۰/۵ تشکیل می‌شود. فقط یک خوشه ثانویه و آن هم بین سوسک - مورچه و مگس - زنبور با فاصله ۳/۰۱ تشکیل می‌شود. خوشه ثالث بین سوسک - مورچه - مگس - زنبور و عقرب با فاصله ۱۱/۰۱ تشکیل می‌شود. خوشه رابع بین سوسک - مورچه - مگس - زنبور - عقرب و کرم خاکی - حلزون با فاصله ۲۰/۵ تشکیل می‌شود.



شکل ۲. فنوگرام حاصل از فاصله مانهاتان برای بی مهرگان مورد مطالعه شامل سوسک، مورچه، مگس، زنبور عسل، عقرب، کرم حاک و حلزون را نشان می‌دهد. خوشه‌های اولیه با خطوط تیره و خوشه‌های ثانویه با نقطه چین ریز و خوشه‌های سوم با خط چین متوسط و خوشه چهارم با خط چین بزرگ نشان داده شده است. سمت چپ فنوگرام نشان دهنده فاصله می‌باشد.

۵. بحث

نتایج حاصل از فنوگرام مبتنی بر فاصله مانهاتان، الگوی روشنی از روابط فنوتیپی میان بی‌مهرگان مورد مطالعه را ارائه می‌دهد و نشان می‌دهد که اطلاعات مورفولوژیک قادر است ساختارهای کلی روابط تکاملی را بازتاب دهد (شکل ۲). در این فنوگرام، حشرات شامل سوسک، مورچه، مگس و زنبور عسل نزدیک‌ترین خوشه‌ها را تشکیل داده‌اند که این موضوع سازگاری کاملی با مطالعات فیلوژنتیکی مبتنی بر داده‌های مولکولی و مورفولوژیک دارد (فوتویاما، ۲۰۱۷؛ می‌سوف و همکاران^۱، ۲۰۱۴). نزدیکی سوسک و مورچه از یک سو و مگس و زنبور از سوی دیگر، منعکس‌کننده شباهت‌های قابل توجه در ساختارهای بدنی، نوع دهان‌سازها، سازمان‌بندی قطعات بدن و الگوهای حرکتی است؛ ویژگی‌هایی که در کلاد شش پایان منشأ مشترک دارند. افزودن عقرب به خوشه حشرات در سطح بالاتری از فاصله ۱۱/۰۱ بیانگر آن است که اگرچه عقرب از نظر فنوتیپی دارای تفاوت‌های آشکار مانند وجود کلیسرها، فقدان بال و تقسیم‌بندی دوگانه سرسینه-شکم است، اما به دلیل اشتراک صفات بنیادی بندپایان همچون وجود اسکلت خارجی، بندبند بودن اندام‌ها و الگوی رشد مشابه، همچنان با حشرات در یک کلاد بزرگ‌تر قرار می‌گیرد. این یافته با مطالعات فیلوژنتیک مولکولی که آرترپودها را یک گروه طبیعی و تک‌تبار نشان داده‌اند، هماهنگ است (رگییر و همکاران^۲، ۲۰۱۰؛ فلسنستین، ۲۰۰۴).

¹ Misof et al.

² Regier et al.

ورود کرم حلقوی به این ساختار در فاصله ۲۰/۵ نشان‌دهنده تمایز قابل توجه آن از بندپایان است، اما پیوستن آن به خوشه در همین سطح، با روابط تکاملی شناخته‌شده میان شاخه‌های دهان اولیه‌ها همخوانی دارد. حلقویان و بندپایان اگرچه در رده‌بندی‌های سنتی در شاخه‌های متفاوت قرار می‌گیرند، اما مطابق با برخی تحقیقات، اشتراکات تکاملی در رشد جنینی ماریچی، ساختارهای عصبی و الگوی عمومی بدن دارند (هربرت و همکاران، ۲۰۰۳؛ یانگ، ۱۹۹۴). در هر حال، فاصله قابل توجه به‌دست‌آمده در این مطالعه نشان می‌دهد که داده‌های فنوتیپی قادر به بازتاب می‌زان تمایز مورفولوژیک واقعی میان این دو گروه هستند.

حلزون در این فنوگرام دورترین موجود نسبت به سایر جانوران بررسی‌شده است و اتصال آن تنها در فاصله ۲۰/۵ صورت می‌گیرد. این نتیجه به‌طور کامل با مطالعات گسترده مولکولی و ژنومی بر روی نرم‌تنان هم‌راستا است که نشان می‌دهد شاخه نرم تنان از نظر ساختار بدنی، سازمان‌بندی بافت‌ها و الگوهای حرکتی تمایز تکاملی عمیقی دارند (کوکوت و همکاران، ۲۰۱۱). در این مطالعه نیز صفات فنوتیپی مانند وجود پوسته آهکی، دستگاه حرکتی عضلانی غیر قطعه‌قطعه و دستگاه گردش خون باز موجب افزایش فاصله محاسبه‌شده برای حلزون شده است.

به طور کلی، نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که تحلیل‌های فنوتیپی با استفاده از فاصله مانهاتان و روش‌های خوشه‌بندی سلسله‌مراتبی می‌توانند ساختارهای تکاملی کلان را با دقت مناسبی بازسازی کنند. با این حال، تفاوت‌هایی که میان کرم حلقوی و حلزون مشاهده شد، تأکیدی بر این نکته است که داده‌های مورفولوژیک همیشه قادر به آشکارسازی تمام جنبه‌های تکامل نیستند و گاهی تحت تأثیر هم‌گرایی تکاملی یا کاهش/افزایش صفات قرار می‌گیرند. این نتیجه با یافته‌های پودانی (۲۰۱۰) درباره محدودیت‌های طبقه‌بندی عددی مبتنی بر صفات فنوتیپی هم‌خوانی دارد.

در مجموع، فنوگرام حاصل از این پژوهش نشان می‌دهد که روش‌های طبقه‌بندی عددی می‌توانند ابزار ارزشمندی برای تحلیل روابط میان گروه‌های جانوری باشند، به‌ویژه هنگامی که داده‌های مولکولی دسترس‌پذیر نیستند. با این حال، برای دستیابی به درک کامل‌تر از روابط تکاملی، ترکیب این روش با داده‌های ژنتیکی، رفتاری و اکولوژیک می‌تواند راهبردی کارآمدتر و جامع‌تر باشد.

۶. نتیجه‌گیری

گنجاندن مبحث گوناگونی جانداران در کتاب‌های درسی، نه تنها دانش پایه زیست‌شناسی را تقویت می‌کند، بلکه نسل آینده را برای مواجهه با چالش‌های زیست‌محیطی آماده می‌سازد. این آموزش باید با مثال‌های ملموس، فعالیت‌های عملی و تأکید بر گونه‌های بومی همراه باشد تا دانش‌آموزان را به حافظان فعال طبیعت تبدیل کند. اما چالش‌هایی در آموزش گوناگونی جانداران به دانش‌آموزان وجود دارد، از جمله حجم بالای مطالب درسی ممکن است باعث سطحی‌شدن آموزش شود، فقدان عکس‌ها یا نمودارهای جذاب برای گونه‌های نادر و تمرکز بر گونه‌های خارجی به جای گونه‌های بومی ایران مورد استفاده قرار گیرد.

استفاده از رده‌بندی با روش‌های عددی در رده‌بندی جانوران، انقلابی در درک روابط تکاملی و طبقه‌بندی علمی ایجاد کرده است. این روش‌ها با تحلیل داده‌های مولکولی، ریخت‌شناسی، و دیگر ویژگی‌ها، درختان فیلوژنتیکی دقیق‌تری را ارائه می‌دهند که مبنای عینی و کمی برای رده‌بندی جانوران فراهم می‌کنند.

رده‌بندی با روش‌های عددی در رده‌بندی جانوران از این جهات قابل توجه می‌باشد که تا حدود زیادی باعث کاهش سوگیری انسانی می‌شود، چرا که روش‌های عددی مبتنی بر الگوریتم‌های ریاضی و آماری هستند و برخلاف روش‌های سنتی مبتنی بر مقایسه‌های کیفی ریخت‌شناسی، وابستگی به تفسیرهای ذهنی پژوهشگر را کاهش می‌دهند. این امر به ویژه در مواردی مفید است که ویژگی‌های هم‌ریخت ناشی از تکامل همگرا باعث اشتباه در رده‌بندی سنتی می‌شوند (فلسنستین، ۲۰۰۴). از طرفی با پیشرفت فناوری توالی‌یابی، حجم داده‌های ژنومی و پروتئینی به سرعت افزایش یافته است. روش‌های عددی مانند بیشینه احتمال و استنباط بیسین قادر به پردازش این داده‌های پیچیده و استخراج الگوهای تکاملی از هزاران ژن یا نوکلئوتید هستند (رونکوئست و هوئلسنیک، ۲۰۰۳؛ یانگ، ۱۹۹۴). از طرفی برخی گروه‌های جانوری مانند بی‌مهرگان یا انگل‌ها به دلیل تنوع بالای ریخت‌شناسی یا تکامل

¹ Kocot et al.

سریع، با روش‌های سنتی به سختی رده‌بندی می‌شوند. روش‌های عددی مانند پیوستن به همسایه یا روش‌های بیسین با مدل‌سازی نرخ جهش‌ها و بازسازی تاریخچه تکاملی، این ابهامات را کاهش می‌دهند (سایتو و نئی، ۱۹۸۷). رده‌بندی عددی به طور مکرر منجر به باز تعریف رده‌های جانوری شده است. برای مثال بازسازی روابط بین حشرات و سخت‌پوستان منجر به تغییر در طبقه‌بندی بندپایان شد. از طرفی روش‌های عددی امکان ترکیب داده‌های مولکولی، ریخت‌شناسی، و فسیلی را در یک چارچوب تحلیلی واحد فراهم می‌کنند. این رویکرد با تکامل کل نگر دقت درختان فیلوژنتیکی را افزایش می‌دهد (تامورا و همکاران^۱، ۲۰۲۱). رده‌بندی دقیق جانوران برای شناسایی گونه‌های در معرض خطر، مدیریت زیستگاه‌ها، و درک تنوع زیستی ضروری است. روش‌های عددی با شناسایی واحدهای تکاملی مستقل مثل گونه‌های پنهان، به برنامه‌ریزی حفاظتی کمک می‌کنند. در هر حال، نتایج این پژوهش حاکی از آن است که ارائه مدل‌های استنباطی علمی می‌تواند در درک فاصله جانوران مطالعه و ارتقاء مهارت‌های علمی معلمان زیست‌شناسی برای تربیت نسلی از افراد علمی آگاه که توانایی دنبال کردن و مشارکت در جهانی تحت تأثیر فناوری را دارند، ضروری است.

۷. پیشنهادات

تاکید بر گنجاندن مباحث گوناگونی جانداران با تأکید بر گونه‌های بومی در کتاب‌های درسی و توجه دادن آنها به اهمیت‌های اکولوژیکی، تقویت تاب‌آوری در برابر تغییرات (نیومن و کراگ^۲، ۲۰۲۰) و پشتیبانی از اقتصاد جهانی (بانک جهانی^۳، ۲۰۲۱) می‌تواند دانش‌آموزان را به حفظان فعال طبیعت تبدیل کند. تاکید بر ایجاد مهارت‌های رده‌بندی دقیق در دانش‌آموزان، نه تنها می‌تواند پایه‌ای برای درک روابط بین موجودات زنده را فراهم کند، بلکه در حفاظت از گونه‌ها، شناسایی منابع، مبارزه با گونه‌های مهاجم و حفظ ذخایر ژنتیکی را ممکن می‌سازد.

۸. منابع

- Felsenstein, J. (2004). *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates.
- Futuyma, D. J. (2017). *Evolution*. Sinauer Associates.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Barcoding animal life. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313–321.
- Hickman, C. P., Roberts, L. S., Keen, S. L., Larson, A., l'Anson, H., & Eisenhour, D. J. (2020). *Integrated principles of zoology* (18th ed.). McGraw-Hill Education.
- Kocot, K. M., Cannon, J. T., Todt, C., Citarella, M. R., Kohn, A. B., Meyer, A., ... & Halanych, K. M. (2011). Phylogenomics reveals deep molluscan relationships. *Nature*, 477(7365), 452–456.
- Lomolino, M. V., Riddle, B. R., Whittaker, R. J., & Brown, J. H. (2017). *Biogeography: Biological diversity across space and time* (5th ed.). Oxford University Press.
- Misof, B., Liu, S., Meusemann, K., Peters, R. S., Donath, A., Mayer, C., ... & Zhou, X. (2014). Phylogenomics resolves the timing and pattern of insect evolution. *Science*, 346(6210), 763–767.
- Newman, D. J., & Cragg, G. M. (2020). Natural products as sources of new drugs over nearly four decades. *Journal of Natural Products*, 83(3), 770–803.
- Podani, J. (2010). Monographs and metaphors: Numerical taxonomy in botany and zoology. *Taxon*, 59(1), 64–88.
- Regier, J. C., Shultz, J. W., Zwick, A., Hussey, A., Ball, B., Wetzter, R., ... & Cunningham, C. W. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*, 463(7284), 1079–1083.
- Ronquist, F., & Huelsenbeck, J. P. (2003). MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19(12), 1572–1574.
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406–425.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027.
- World Bank. (2021). *The economic case for nature*. World Bank Publications.
- Yang, Z. (1994). Maximum likelihood phylogenetic estimation from DNA sequences: A survey. *Journal of Molecular Evolution*, 39(3), 306–314.

¹ Tamura et al.

² Newman & Cragg

³ World Bank