

تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی پروانه جوانه‌خوار بلوط (*Tortrix viridana*)
در جنگل‌های زاگرس شمالی (L. Lepidoptera: Tortricidae)

Genetic diversity and population structure in green oak leaf roller
(*Tortrix viridana* L. Lepidoptera: Tortricidae) from North-Zagros forests

حمید غیاث‌الدین^۱، نفی شهبانیان^{۲*}، محمدرضا کاروسی^۱، رضا طالبی^۳، وحیده پیام‌نور^۱

۱- دانشجوی دکتری، دانشیاران، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، دانشکده علوم جنگل گرگان،

گرگان، ایران

۲- دانشیار، دانشگاه کردستان، گروه جنگلداری، مرکز پژوهش و توسعه جنگلداری زاگرس شمالی، سنندج، ایران

۳- استادیار، دانشگاه آزاد اسلامی واحد سنندج، سنندج، ایران

Ghiasoddin H¹, Shabanian N^{*2}, Kavooosi MR¹, Talebi R³, Payamnoor V¹

1- PhD Student, Associate Professors, Gorgan University of Agricultural Sciences
and Natural Resources Forest sciences Faculty, Iran

2- Associate Professor, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

3- Assistant Professor, Islamic Azad University, Branch of Sanandaj, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: N.shabanian@uok.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۸/۰۶/۲۸ - تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۲/۰۳)

چکیده

پروانه جوانه‌خوار بلوط (*Tortrix viridana* L.) به‌عنوان زیان‌بارترین آفت درختان بلوط در جنگل‌های زاگرس، از طریق تغذیه از جوانه‌های زایای درختان خسارت سنگینی به بلوط‌ها وارد می‌کند. با وجود اهمیت کنترل آن، در رابطه با ساختار جمعیتی و تنوع ژنتیکی این آفت در سطح DNA اطلاعات کمی در دسترس است. در این مطالعه تنوع و ساختار ژنتیکی ۱۶ جمعیت (شامل ۱۰۵ ژنوتیپ) با استفاده از دو نشانگر ژنتیکی ISSR و RAPD تجزیه و تحلیل شد. با استفاده از ۱۰ آغازگر از نشانگر ISSR در مجموع ۱۲۷ نوار قابل امتیازدهی با میانگین ۱۲/۷ نوار برای هر نشانگر به‌دست آمد که از مجموع این نوارها تعداد ۱۲۱ نوار (۹۵ درصد) نوارهای تشکیل شده چندشکل بودند. همچنین از هشت آغازگر RAPD نیز ۱۰۵ نوار با میانگین ۱۳/۱ نوار در هر آغازگر و با مجموع ۹۹ نوار چندشکل (۹۳ درصد) تکثیر شد. ضریب تمایز ژنتیکی بین جمعیتی (Φ_{ST}) برآورد شده از دو نشانگر ISSR و RAPD به ترتیب برابر با ۰/۲۶ و ۰/۱۸ بود. تجزیه واریانس مولکولی داده‌های دو نشانگر ISSR و RAPD نشان داد که بخش عمده تنوع ژنتیکی کل مشاهده‌شده ناشی از تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌ها است. جریان ژنی برآوردشده بین جمعیت‌ها بر اساس نشانگر ISSR ۰/۴۶۱ و بر اساس نشانگر RAPD ۰/۵۲۷ بود که نشان‌دهنده جریان ژنی ضعیفی بین جمعیت‌هاست. دندروگرام UPGMA مبتنی بر هر دوی سیستم‌های نشانگری استفاده‌شده جمعیت‌های مورد مطالعه را بدون هیچ رابطه مشخصی با فاصله جغرافیایی آن‌ها در خوشه‌های مجزا گروه‌بندی کرد. اطلاعات این مطالعه می‌تواند برای پایه‌ریزی استراتژی‌های مدیریت یکپارچه این آفت در جنگل‌های زاگرس سودمند باشد.

واژه‌های کلیدی

پروانه جوانه‌خوار بلوط
توالی‌های تکراری ساده میانی
چندشکلی
نشانگر ژنتیکی
Tortrix

جنگل‌های زاگرس بعد از جنگل‌های شمال، مهم‌ترین و باارزش‌ترین جنگل‌های کشور هستند که حفاظت از آب و خاک در بعد ملی، مهیا کردن شرایط زیستی برای ساکنان محلی و تولید محصول‌های غیرچوبی از مهم‌ترین کارکردهای این جنگل‌ها به‌شمار می‌آیند (Jazirehi and Ebrahimi-Rastaghi 2003). حیات و پایداری این جنگل‌ها به‌وسیله‌ی عوامل متعددی از جمله پروانه جوانه‌خوار بلوط (*Tortrix viridana* L.) تهدید می‌شود (Marvi-Mohajer 2005). دامنه‌ی میزبانی آفت جوانه‌خوار بلوط محدود به گونه‌های جنس بلوط است (Hunter 1990; Merle 1999; Hunter et al. 1997; Schroeder and Degen 2008). به‌طوری‌که محدوده پراکندگی آن با گستره جغرافیایی پراکنش میزبان آن همبستگی دارد. در ایران این آفت در حال حاضر به شدت در استان‌های آذربایجان غربی، کهگیلویه و بویراحمد، کردستان، لرستان و کرمانشاه پراکنده است (Sabeti 1995). انبوهی این آفت به‌لحاظ اندازه جمعیت اغلب با نوسانات زیادی همراه است، به‌طوری‌که در دوره‌هایی گستره‌ی جمعیت‌های آن کوچک (دوره‌های خفته) و در دوره‌هایی بزرگ است (دوره‌های طغیان)؛ این وضعیت برای آفات گیاه‌خوار طبیعی است (Horstmann 1997; Hunter et al. 1984). افزون بر این ظهور این آفت تحت تأثیر فنولوژی بلوط‌ها قرار می‌گیرد (Hunter 1990)، به‌طوری‌که لاروهای سن اول این آفت برای نموی موفق خود به طبیعت فیزیولوژیکی جوانه‌های تازه بازنده نیاز دارند (Ivashov et al. 2002). افزون بر این، برای ظهور موفق پروانه جوانه‌خوار بلوط نیاز به سازگاری‌های اکوفیزیولوژیکی و ژنتیکی آفت به میزبان‌های فنولوژیکی مختلف در داخل جنس *Quercus* نشان داده شده است (Du Merle 1999). این آفت دارای یک نسل در سال بوده و زمستان‌گذرانی آن به‌صورت تخم است. خسارت آن هم‌زمان با خروج لاروهای نئونات از اواخر اسفندماه شروع شده و سن‌های اول و دوم لاروها عملاً در داخل جوانه زندگی می‌کنند. لاروهای سن سوم پس از خروج از جوانه‌ها شروع به تغذیه از برگ‌های جوان کرده و در ضمن تغذیه، برگ‌ها را تا کرده و تار می‌تند، ولی شدت تغذیه و خسارت بالا در سن‌های چهارم و پنجم لاروی ظاهر شده به‌طوری‌که در بعضی از موارد و

در دوره‌های طغیان درختان را به کلی عاری از برگ می‌کنند (Fazeli and Abaei 1989). چنین برگ‌زدایی ناشی از تغذیه آفت به‌طور طبیعی منجر به کاهش در تولید چوب می‌شود چرا که بلوط‌ها بعد از تغذیه آفت، مواد غذایی دریافتی از خاک را به‌جای تولید چوب به سمت تشکیل برگ‌های جدید تغییر مسیر می‌دهند (Schroeder and Degen 2008). جوانه‌خوار بلوط برای اولین بار در دنیا در سال ۱۹۲۲ از جنگل‌های بلوط کشور انگلستان گزارش شد (Behdad 1988). این آفت در ایران نخستین بار توسط آمل و عبایی در سال ۱۳۵۴ از منطقه ماکو و سردشت جمع‌آوری و شناسایی شد و سپس در سال ۱۳۶۲، عبایی این آفت را در جنگل‌های بلوط استان کهگیلویه و بویراحمد جمع‌آوری کرد و خسارت آن را گزارش داد. در سال‌های اخیر آفت پروانه جوانه‌خوار بلوط همواره به‌عنوان یکی از دلایل کاهش جمعیت بلوط‌ها در زاگرس شناخته شده است. برگ‌زدایی بلوط‌ها با ضعیف‌کردن این درختان نقطه شروع کاهش اندازه جمعیت در بلوط‌هاست (Hartmann and Blank 1992). صرف‌نظر از مطالب اشاره شده در بالا و مطالعات انجام‌شده در زمینه پویایی جمعیت‌های این پروانه، به مطالعه تنوع ژنتیکی این آفت توجه کمی شده است. مطالعات متعدد در بسیاری از حشرات نشان داده‌اند که فاکتورهای مختلفی (گزینش، رانش ژنتیکی، مهاجرت) بر ساختار ژنتیکی و تمایز ژنتیکی جمعیت‌های حشرات تأثیر می‌گذارند (Bhau et al. 2014). تغییرپذیری ژنتیکی با افزایش ایزولاسیون در جمعیت‌های جداشده ممکن است از بین برود. کنترل بیولوژیکی آفت به‌طور سنتی بر روش‌های فنوتیپی و مورفولوژیکی گونه میزبان و پارازیتوئید آن‌ها مبتنی است (Wharton et al. 2000; Wang and Messing 2003). در چنین شرایطی، ارزیابی دقیق پراکنش جغرافیایی این آفات در گستره رشد میزبان آن‌ها اهمیت کاربردی دارد.

سودمندی و کارایی نشانگرهای مولکولی برای تجزیه و تحلیل فاصله و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های آفات و میزبان آن‌ها به اثبات رسیده است. چندشکی DNA را می‌توان با استفاده از تکنیک‌های مبتنی بر تکثیر نواحی خاصی از DNA ژنومی آشکار کرد (Williams et al. 1990). نشانگرهای مولکولی چندشکلی نواحی تکراری ساده میانی (ISSR) و DNA

جمعیتی بسیار بالای پروانه جوانه‌خوار بلوط (*T. viridana*) با استفاده از نشانگرهای مولکولی میتوکندریایی و نشانگر AFLP گزارش شد (Schroeder and Degen 2008; Andrei et al. 1999). ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های پروانه جوانه‌خوار بلوط می‌تواند به تعیین ساختار ژنتیکی این آفت، میزان جریان ژنی بین جمعیت‌ها و وضعیت تمایز ژنتیکی جمعیت‌ها کمک کند. چنین اطلاعاتی برای پی‌بردن به وضعیت پراکنش این آفت در جنگل بلوط زاگرس شمالی حیاتی خواهد بود، چرا که پراکنش آفت یکی از مؤلفه‌های کلیدی و مهم در رابطه با اجرای برنامه‌های مدیریت آفت به‌منظور کنترل موثر آن است. افزون بر این، این اطلاعات می‌تواند برای انتخاب استراتژی‌های مناسب و کارآمد کنترل این آفت سودمند باشد (Aylor and Irwin 1999). هدف از این مطالعه، ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌هایی از پروانه جوانه‌خوار بلوط در بخش شمالی جنگل‌های زاگرس بود.

مواد و روش‌ها

با ظهور آفت نمونه‌های لارو سن چهار پروانه جوانه‌خوار بلوط از سطح جنگل‌های طبیعی شهرستان مریوان در استان کردستان جمع‌آوری شدند. برای این منظور از ۱۶ جمعیت مختلف (جدول ۱، شکل ۱) با اندازه نمونه ۵ تا ۱۰ لارو در هر محل (در مجموع ۱۰۳ نمونه، جدول ۱)، از روی برگ درختان بلوط آلوده به این آفت نمونه‌برداری شد.

حشرات جمع‌آوری‌شده به آزمایشگاه منتقل و بعد از تمیز شدن در میکروتیوب حاوی الکل ۷۵٪ قرار گرفتند، و تا زمان استخراج DNA در ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. قبل از استخراج DNA، به‌منظور حذف الکل، نمونه‌ها به مدت کوتاهی در آب مقطر استریل غوطه‌ور شدند. هر یک از نمونه‌ها در ۱۲۰ میکرولیتر بافر استخراج (حاوی ۰/۱ مولار NaCl، ۰/۲ مولار ساکارز، ۰/۰۱ مولار Na₂EDTA، ۰/۰۳ مولار Tris-HCl pH 8.0) در یک میکروتیوب ۱/۵ میلی‌لیتری هم‌وزنیزه شدند. سپس ۳۰ میکرولیتر بافر لیزکننده (شامل ۰/۲۵ مولار Na₂-EDTA، ۲/۵ درصد SDS، ۰/۵ مولار Tris-HCl pH) و دی‌اتیل‌پیروکربنات به هر یک از میکروتیوب‌ها اضافه و در دمای ۶۵ درجه برای مدت

چندشکل تکثیر یافته تصادفی (RAPD) به‌عنوان روشی ساده، تکرارپذیر و کم‌هزینه، تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها را با آشکارسازی الگوی تکثیر DNA ژنومی بررسی می‌کند. این تکنیک به‌مانند سایر نشانگرهای مولکولی مبتنی بر تکثیر DNA ژنومی، چندشکلی را به‌طور سریع و موثر آشکار می‌کند (Benecke et al. 1997; Bertin et al. 2002; Black and Du Tea 1998). در رابطه با تنوع و تغییرپذیری ژنتیکی درون و بین آفت پروانه جوانه‌خوار بلوط در جنگل‌های بلوط زاگرس اطلاعاتی در دسترس نیست. در مطالعه‌ای بر بروی تنوع آیزوزایمی پروانه جوانه‌خوار بلوط، Simchuk et al. (1999) سطح بالایی از هتروزیگوسیتی در سطح لوکوس‌های مختلف آیزوزایمی در جمعیت‌های این آفت را گزارش کردند. افزون بر این، در مطالعه دیگری نشانگرهای مولکولی مبتنی بر DNA برای تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌های این آفت در مقیاس جغرافیایی کوچک به‌کار گرفته شده‌اند (Schroeder and Scholz 2005). هم‌چنین Schroeder and Degen (2008) با مطالعه ساختار ژنتیکی جمعیت‌های پروانه جوانه‌خوار بلوط بر اساس نشانگرهای AFLP گزارش دادند که بخش‌بندی تنوع ژنتیکی آشکار شده به تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیتی با توان این آفت در مهاجرت و جایجایی بین جمعیت‌های مورد مطالعه ارتباط دارد. بر اساس گزارش مطالعه یادشده، توان و ظرفیت این آفت در مهاجرت و جایجایی بین جمعیت‌های مختلف عامل مهمی برای پخش شدن آفت در درختان میزبان مختلف و جمعیت‌های بیشتر و به‌دنبال آن وقوع طغیان‌های شدید است. هم‌چنین در گزارش این مطالعه آمده است که از چهار جمعیت (متشکل از ۴۰۱ آفت)، ساختار ژنتیکی مکانی آشکار شده با رفتار آمیزشی و الگوهای تغذیه‌ای پروانه‌های داخل جمعیت‌ها همخوانی دارد. در مطالعه دیگری بر پروانه جوانه‌خوار بلوط، Schroeder et al. (2010) با استفاده از هشت نشانگر مولکولی ریزماهوره‌ای تنوع ژنتیکی بالایی در آفت جوانه‌خوار بلوط (*T. viridana*) در یک جمعیت جدا شده از نظر جغرافیایی در منطقه Bashkir Transural را گزارش کرده‌اند. بر اساس گزارش این مطالعه، تنوع ژنتیکی در میان جمعیت‌های جدا شده بیشتر از جمعیت در مرکز منطقه توزیع مشاهده شده است. در تحقیقات مشابه در جنگل‌های اروپا تنوع ژنتیکی درون

زمان انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. غلظت نهایی هر یک از نمونه‌های DNA با استفاده از بافر TE بر روی ۲۰ نانوگرم/میکرولیتر برای تکثیر PCR رقیق شد.

برای انجام این مطالعه در مجموع ۳۰ آغازگر ISSR و ۱۵ آغازگر RAPD به‌لحاظ تکثیر نوارهای قوی، چندشکلی، و تکرارپذیری نوارهای تکثیرشده ارزیابی شدند. از این تعداد آغازگر، ۱۰ آغازگر از نشانگر ISSR و ۸ آغازگر از نشانگر RAPD بر اساس چندشکلی و تکرارپذیری برای تکثیر DNA انتخاب شدند (جدول ۲). واکنش‌های تکثیر با واسرشت‌سازی آغازین ۱۲۰ ثانیه‌ای در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد و به دنبال آن ۳۰ چرخه‌ی متشکل از ۶۰ ثانیه واسرشت‌سازی در دمای ۹۲ درجه، ۶۰ ثانیه در دمای ۵۴-۳۵ درجه و ۱۲۰ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد با مرحله بسط نهایی ۳۰۰ ثانیه‌ای در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام شد. به‌منظور کاهش تغییرات در واکنش تکثیر، از مسترمیکس متشکل از اجزای واکنش استفاده شد.

۴۰ دقیقه انکوبه شدند. در ادامه ۵۰ میکرولیتر از استات پتاسیم مولار به سوسپانسون موجود در تیوب‌ها اضافه و ورتکس شدند. سپس تیوب‌ها به مدت ۳۰ دقیقه در یخ قرار گرفتند و در ادامه برای مدت ۱۵ دقیقه در دور ۱۲۰۰۰ در دقیقه سانتریفیوژ شدند. در ادامه لایه رویی به یک میکروتیوب جدید انتقال داده شد و دوبرابر حجم آن اتانول سرد ۹۵٪ به هر میکروتیوب اضافه شد. سپس با سانتریفیوژ در ۱۲۰۰۰ دور در دقیقه برای مدت ۱۵ دقیقه پلیت DNA حاصل شد. سپس این پلیت با اتانول ۷۰٪ سرد شستشو داده شد و در اتانول ۱۰۰٪ سرد قرار گرفت. DNA استخراج‌شده با یک حجم از اتانول مطلق سرد و ۰/۱ حجم از استات آمونیوم ۷/۵ مولار دوباره ترسیب شد و پس از سانتریفیوژ، با اتانول مطلق شستشو داده شد. نمونه‌ی DNA به‌دست‌آمده از طریق هوادهی خشک و در ۵۰ میکرولیتر از بافر TE حل شد. کیفیت و کمیت نمونه‌های DNA استخراج‌شده با استفاده از جذب بر روی طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر (Eppendorf, BioPhotometer) کنترل، و نمونه‌های DNA تا

جدول ۱- جمعیت‌های نمونه‌برداری و تعداد ژنوتیپ‌های نمونه‌برداری شده از هر جمعیت

جمعیت	اختصار	ارتفاع (متر از سطح دریا)	طول جغرافیایی (E)	عرض جغرافیایی (N)	تعداد ژنوتیپ
ره‌شده‌ی	RD	۱۴۱۳	۱۷°۴۶'۴۳"	۳۵°۲۵'۲۷"	۵
نجی	NC	۱۳۲۹	۱۷° ۴۹"	۳۵° ۳۴' ۳۱"	۶
ماسیدر	MA	۱۳۹۲	۱۸° ۳۳"	۳۵° ۳۶' ۳۱"	۵
سعدآباد	SA	۱۳۱۸	۱۵° ۴۵"	۳۵° ۴۰' ۲۸"	۵
قامیشه	GH	۱۵۰۸	۱۸° ۴۶"	۳۵° ۵۰' ۳۲"	۱۰
گویله	GA	۱۳۱۶	۱۵° ۶۴' ۴۹"	۳۵° ۵۱' ۳۴"	۷
عصرآباد	AS	۱۶۴۳	۰۰° ۴۹"	۳۵° ۵۶' ۳۴"	۵
دره پنبه دانه	DD	۱۳۶۳	۱۶° ۴۸"	۳۵° ۵۶' ۳۶"	۷
بیلو	BO	۱۴۵۲	۱۸° ۴۹"	۳۵° ۵۸' ۳۵"	۸
گله	GL	۱۳۱۰	۱۸° ۳۹"	۲۵° ۶۸' ۳۷"	۸
کولان	KL	۱۳۶۳	۲۸° ۳۵"	۳۵° ۴۸' ۱۵"	۷
خانم‌کهن	KK	۱۳۲۳	۲۵° ۴۹"	۳۵° ۴۶' ۳۳"	۷
بالک	BL	۱۳۴۹	۳۸° ۵۱"	۳۵° ۴۶' ۳۴"	۵
کولیت حاج‌عبدالله	KH	۱۳۱۸	۰۰° ۳۵"	۳۵° ۵۲' ۲۴"	۷
باغان	BG	۱۳۷۴	۳۴° ۳۸"	۳۵° ۲۵' ۳۵"	۶
محمدده	MD	۱۵۷۶	۱۶° ۴۲"	۳۵° ۵۷' ۴۳"	۷
کل		-	-	-	۱۰۵

تعداد هاردی - وینبرگ با استفاده از برنامه‌های GenAEx 6.1، POPGENE و XLSTAT®، (Peakall and Smouse 2006)، پارامترهای ژنتیکی از جمله تعداد کل نوارهای تکثیر شده (TAB)، تعداد نوارهای چندشکل (PB)، درصد چندشکلی (PP)، شاخص اطلاعات چندشکلی (PIC)، و قدرت تمایز (PD) برای هر یک از آغازگرها محاسبه شد (جدول ۲). افزون بر این درصد مکان‌های ژنی چندشکل (PP%)، تعداد آلل‌های مشاهده‌شده در هر لوکوس (A_0)، شاخص تنوع ژنی نی (Nei 1978) (h) و شاخص اطلاعات شانون (I) برای هر یک از جمعیت‌ها محاسبه شدند.

واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر شامل ۱۲/۵ میکرولیتر بافر واکنش (۱/۸ میلی‌مولار $MgCl_2^+$ ، ۱۵۰ میکرومولار dNTP، و ۱ واحد تگ‌پلیمرز)، ۵ میکرومول آغازگر، ۳۰-۵۰ نانوگرم DNA ژنومی و ۴ میکرولیتر آب دیونیزه در دستگاه ترمال‌سایکلر (C-1000, BioRad) انجام گرفت. محصولات PCR در ژل آگارز ۱/۵٪ با بافر TAE ۰/۵X تفکیک و نوارهای تکثیرشده با استفاده از محلول اتیدیوم بروماید ۰/۰۵ درصد رنگ‌آمیزی شدند. آشکارسازی نوارهای حاصل و نمره‌دهی نوارها با استفاده از سیستم ژل‌داکیومننت (*Gel Doc*TM XR, BioRad) و نرم‌افزار آن انجام گرفت.

نوارهای تکثیرشده از آغازگرهای IRAP و ISSR به‌صورت وجود (۱) یا عدم‌وجود (صفر) نمره‌دهی و ثبت شدند و با فرض وجود

جدول ۲- توالی و اطلاعات ژنتیکی به‌دست آمده از آغازگرهای مورد استفاده در این مطالعه

PD	PIC	PP (%)	PB	TAB	AT (°C)	توالی ۳' → ۵'	آغازگر
							ISSR
۰/۴۹	۰/۴۵	۱۰۰	۱۲	۱۲	۴۹/۰	GAGAGAGAGAGAGAGAA	UBC 812
۰/۳۲	۰/۲۹	۸۲	۹	۱۱	۵۵/۷	GAGAGAGAGAGAGAGYC	UBC 816
۰/۵۰	۰/۳۲	۱۰۰	۱۵	۱۵	۵۰/۶	CACACACACACACACAG	UBC 818
۰/۷۱	۰/۴۶	۱۰۰	۱۲	۱۲	۴۹/۵	TCTCTCTCTCTCTCRT	UBC 860
۰/۶۱	۰/۴۴	۱۰۰	۱۳	۱۳	۵۷/۰	ACCACCACCACCACCACC	UBC 861
۰/۶۸	۰/۳۹	۸۱/۸	۹	۱۱	۵۶/۶	CTCCTCCTCCTCCTCCTC	UBC 866
۰/۴۱	۰/۳۱	۱۰۰	۱۵	۱۵	۴۹/۵	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	UBC 868
۰/۸۰	۰/۴۷	۱۰۰	۱۴	۱۴	۴۹/۰	GAGAGAGAGAGAGAGAYT	UBC 876
۰/۷۳	۰/۴۲	۸۳/۳	۱۰	۱۲	۵۴/۱	GACAGACAGACAGACA	UBC 880
۰/۶۷	۰/۴۹	۱۰۰	۱۲	۱۲	۵۵/۷	AGGGAGAGGAGGAGGAGG	nIssr3
۰/۵۹	۰/۴۰	۹۴/۷	۱۲/۱	۱۲/۷	-		میانگین
							RAPD
۰/۴۷	۰/۳۹	۱۰۰	۱۵	۱۵	۳۴	AGAACCGAGG	OPAH9
۰/۴۱	۰/۲۸	۱۰۰	۱۳	۱۳	۳۳	GGGATGACCA	OPAH10
۰/۲۹	۰/۲۶	۹۴/۷	۱۸	۱۹	۳۶	TGAGTCCGCA	OPAH13
۰/۳۴	۰/۲۹	۱۰۰	۱۲	۱۲	۳۳	TGTGGCCGAA	OPAH14
۰/۳۹	۰/۳۲	۹۰/۹	۱۰	۱۱	۳۵	GGTTGGAGAC	OPAF10
۰/۳۶	۰/۳۰	۱۰۰	۱۲	۱۲	۳۵	AGCCTCGGTT	OPAG19
۰/۳۲	۰/۲۱	۹۰/۹	۹	۱۱	۳۶	TGCGCTCCTC	OPAG20
۰/۲۱	۰/۱۹	۱۰۰	۱۰	۱۲	۳۶	GGCTTGGCGA	OPAG13
۰/۳۶	۰/۲۸	۹۳	۱۲/۳	۱۳/۱	-		میانگین

AT: دمای بهینه اتصال؛ TAB: تعداد نوار تکثیر شده؛ PB: تعداد نوار چندشکل؛ PP: درصد چندشکلی؛ PIC: شاخص اطلاعات چندشکلی؛ PD: قدرت تمایز

قابل‌نمره‌دهی و تکرارپذیر برای برآورد تنوع ژنتیکی جمعیت‌های پروانه جوانه‌خوار انتخاب شدند (شکل ۱ و شکل ۲؛ جدول ۲). با استفاده از نشانگرهای یادشده، تنوع ژنتیکی ۱۰۵ ژنوتیپ انتخاب‌شده از ۱۶ جمعیت *T. viridana* مورد بررسی قرار گرفت. در جدول ۲ شاخص‌های برآوردشده از کارایی هر یک از آغازگرها نشان داده شده است. همان‌طور که این جدول نشان می‌دهد مجموع تعداد نوارهای ثبت‌شده برای آغازگرهای ISSR ۱۲۷ و برای آغازگرهای RAPD ۱۰۵ نوار بود که از این تعداد به ترتیب ۱۲۱ (۹۴/۷ درصد) و ۹۹ (۹۳ درصد) چندشکل بودند (جدول ۲).

تعداد نوار تکثیرشده از آغازگرهای ISSR از ۱۱ (UBC816) و UBC866 (۱۵ تا UBC818 و UBC868) با میانگین ۱۲/۷ نوار و از آغازگرهای RAPD از ۱۱ (OPAF10 و OPAG20) تا ۱۹ (OPAH13) با میانگین ۱۳/۱ نوار متفاوت بودند. در میان نشانگرهای ISSR، آغازگرهای UBC818 و UBC868 با ۱۵ نوار چندشکل و در میان نشانگرهای RAPD، آغازگر OPAH13 با ۱۸ نوار چندشکل دارای بیشترین تعداد نوار چندشکل بودند (جدول ۲).

ساختار ژنتیکی جمعیت‌های مورد مطالعه با برآورد پارامترهای تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها و جریان ژنی (Nei 1973) بیشتر مورد بررسی قرار گرفت. به‌منظور تفکیک واریانس ژنتیکی کل به واریانس ژنتیکی درون‌جمعیتی و واریانس ژنتیکی بین‌جمعیتی، تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) با استفاده از نرم‌افزار GenAlEx انجام شد (Excoffier et al. 1992). درخت فیلوژنتیکی براساس روش UPGMA و فاصله ژنتیکی نی با استفاده از نسخه ۵/۰۵ نرم‌افزار MEGA ترسیم شد. همچنین با استفاده از نسخه ۲،۳،۴ نرم‌افزار (Pritchard et al. 2000) STRUCTURE ساختار جمعیتی آفت مورد بررسی بیشتری قرار گرفت. این شبیه‌سازی با در نظر گرفتن تعداد جمعیت‌ها (K) از یک تا ۱۰ و با سه تکرار انجام شد.

نتایج

در این مطالعه از دو نشانگر مولکولی ISSR و RAPD استفاده شد. در ارزیابی اولیه، به ترتیب از مجموع ۳۱ و ۱۵ آغازگر از این دو نشانگر، ۱۰ آغازگر ISSR و ۸ آغازگر RAPD با الگوی نواری



شکل ۱- الگوی نواری ژنوتیپ‌هایی از جمعیت‌های مورد مطالعه با استفاده از آغازگر UBC818 (نشانگر ISSR). ۱-۲۰: برخی از ژنوتیپ‌ها؛ M: خط‌کش ژنی ۱ کیلوبازی.



شکل ۲- الگوی نواری ژنوتیپ‌هایی از جمعیت‌های مورد مطالعه با استفاده از آغازگر OPAH13 (نشانگر RAPD). ۱-۲۰: برخی از ژنوتیپ‌ها؛ M: خط‌کش ژنی ۱ کیلوبازی.

جدول ۳- خلاصه تجزیه تنوع ژنتیکی ISSR و RAPD جمعیت‌های *Tortrix viridana*

I		h		na		P (%)		جمعیت
RAPD	ISSR	RAPD	ISSR	RAPD	ISSR	RAPD	ISSR	
۰/۲۸	۰/۲۹	۰/۲۰	۰/۱۹	۱/۲۲	۱/۱۳	۸۰/۱۷	۷۵/۱۳	RD
۰/۳۰	۰/۳۳	۰/۲۲	۰/۲۴	۱/۲۲	۱/۱۵	۷۹/۲۸	۶۰/۱۸	NC
۰/۳۵	۰/۳۸	۰/۱۹	۰/۱۶	۱/۰۴	۱/۱۰	۷۱/۵۵	۷۱/۱۵	MA
۰/۳۵	۰/۳۵	۰/۲۰	۰/۱۸	۱/۴۲	۱/۲۲	۷۵/۷۳	۶۲/۱۵	SA
۰/۳۳	۰/۳۷	۰/۲۰	۰/۱۹	۱/۱۳	۱/۱۲	۴۸/۱۵	۵۴/۵۲	GH
۰/۲۶	۰/۲۱	۰/۲۱	۰/۱۵	۱/۰۰	۱/۰۵	۴۷/۷۱	۴۸/۱۶	GA
۰/۲۸	۰/۲۰	۰/۲۰	۰/۱۹	۱/۳۵	۱/۵۴	۴۸/۶۰	۴۸/۶۴	AS
۰/۲۹	۰/۲۳	۰/۱۸	۰/۱۸	۱/۱۳	۱/۲۵	۵۵/۵۲	۶۲/۲۵	DD
۰/۳۱	۰/۲۶	۰/۱۶	۰/۱۵	۱/۱۵	۱/۲۰	۵۷/۱۰	۵۸/۲۴	BO
۰/۳۲	۰/۲۶	۰/۲۰	۰/۱۴	۱/۱۱	۱/۱۲	۷۲/۳۴	۷۴/۳۵	GL
۰/۳۷	۰/۲۱	۰/۱۵	۰/۱۶	۱/۳۰	۱/۳۲	۵۰/۵۱	۵۹/۵۶	KL
۰/۳۰	۰/۱۹	۰/۱۸	۰/۱۵	۱/۳۶	۱/۲۵	۴۸/۴۹	۵۷/۱۲	KK
۰/۲۸	۰/۲۱	۰/۱۹	۰/۱۶	۱/۲۴	۱/۳۲	۵۰/۱۱	۶۵/۷۲	BL
۰/۲۶	۰/۲۳	۰/۲۲	۰/۱۷	۱/۲۴	۱/۴۶	۴۶/۱۰	۵۴/۷۱	KH
۰/۳۳	۰/۲۴	۰/۲۵	۰/۲۰	۱/۱۳	۱/۰۰	۵۵/۱۰	۶۰/۲۳	BG
۰/۳۶	۰/۲۶	۰/۲۲	۰/۱۷	۱/۱۵	۱/۲۰	۵۲/۱۱	۵۸/۸۱	MD
۰/۳۰	۰/۲۶	۰/۲۰	۰/۱۷	۱/۱۹	۱/۲۱	۵۸/۶۶	۶۰/۶۸	چ

P: درصد لوکوس‌های چندشکل؛ na: تعداد آلل مشاهده‌شده؛ h: تنوع ژنی نی؛ I: شاخص اطلاعات شانون (Lewontin 1972)؛ مج: میانگین در سطح جمعیت.

سعدآباد (۱/۴۲)، و کمترین این آماره به ترتیب در جمعیت‌های باغان (۱/۰۰) و گویله (۱/۰۰) مشاهده شده است. بر اساس نشانگر ISSR بیشترین و کمترین مقدار تنوع ژنی نی به ترتیب در جمعیت‌های نیچی (۰/۲۴) و گله (۰/۱۴)، و بر اساس RAPD نیز به ترتیب در جمعیت‌های باغان (۰/۲۵) و گله (۰/۱۵) آشکار شده است. همچنین بیشترین و کمترین مقدار شاخص اطلاعات شانون بر اساس نشانگر ISSR برای جمعیت‌های ماسیدر (۰/۳۸) و عصرآباد (۰/۲۰)، و بر اساس نشانگر RAPD برای دو جمعیت کولان (۰/۳۷) و کولیت حاج‌عبدالله (۰/۲۶) ثبت شده است.

در جدول ۴ فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها بر اساس داده‌های ژنتیکی ISSR و RAPD نشان داده شده است. بر اساس داده‌های ISSR کمترین مقدار فاصله ژنتیکی (۰/۰۲۵) بین جمعیت‌های عصرآباد و کولیت حاج‌عبدالله و بیشترین آن (۰/۱۷۹) بین جمعیت‌های قامیشه و گله ثبت شد. همچنین بر اساس نشانگر RAPD دامنه فاصله ژنتیکی جفت جمعیت‌ها از ۰/۰۱۹ (بین جمعیت‌های کولیت حاج‌عبدالله و گویله) تا ۰/۱۳۷ (بین جمعیت‌های گله و ره‌شده‌ی) متفاوت بود (جدول ۴).

بیشترین مقدار محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) برای آغازگر nISSR (ISSR) با ۰/۴۹ و کمترین مقدار آن برای آغازگر OPAG13 (RAPD) با ۰/۱۹ ثبت شد (جدول ۲). همچنین شاخص قدرت تمایز نشانگر (PD) نیز از ۰/۲۱ (نشانگر OPAG13) تا ۰/۸۰ (نشانگر UBC876) متغیر بود (جدول ۲). در جدول ۳ خلاصه کارکرد هر دوی نشانگرهای ISSR و RAPD در سطح جمعیت از جمله درصد لوکوس‌های چندشکل، تعداد آلل مشاهده‌شده، تنوع ژنی و شاخص اطلاعات شانون (Lewontin 1972) نشان داده شده است. بر اساس نوارهای تکثیرشده از آغازگرهای ISSR بیشترین درصد چندشکلی در جمعیت ره‌شده‌ی (۷۵/۱۳) و کمترین آن در جمعیت گویله (۴۸/۱۶) آشکار شده است. حداکثر و حداقل این پارامتر بر اساس داده‌های حاصل از نشانگرهای RAPD به ترتیب در جمعیت‌های ره‌شده‌ی (۸۰/۱۷ درصد) و کولیت حاج‌عبدالله (۴۶/۱۰) مشاهده شده است.

همچنین بیشترین تعداد آلل مشاهده‌شده بر اساس نشانگرهای ISSR و RAPD به ترتیب در جمعیت‌های عصرآباد (۱/۵۴) و

جدول ۴- فاصله ژنتیکی * نی میان جفت جمعیت‌های *Tortrix viridana* بر اساس نشانگرهای RAPD و ISSR

MD	BG	KH	BL	KK	KL	GL	BO	DD	AS	GA	GH	SA	MA	NC	RD	جمعیت
۰/۱۱۵	۰/۰۷۲	۰/۰۹۷	۰/۱۰۴	۰/۰۱۲	۰/۱۲۵	۰/۰۸۵	۰/۱۱۲	۰/۰۹۸	۰/۰۹۹	۰/۰۵۸	۰/۰۸۵	۰/۰۸۸	۰/۰۷۲	۰/۰۶۴	***	RD
۰/۱۲۴	۰/۱۰۰	۰/۱۱۷	۰/۱۰۳	۰/۰۶۸	۰/۱۲۶	۰/۰۸۹	۰/۱۱۰	۰/۰۸۷	۰/۰۸۷	۰/۰۸۵	۰/۰۹۸	۰/۰۹۵	۰/۰۷۵	***	۰/۰۶۸	NC
۰/۰۹۹	۰/۰۶۹	۰/۰۷۸	۰/۰۶۷	۰/۰۶۷	۰/۱۲۷	۰/۱۱۲	۰/۰۹۸	۰/۰۸۸	۰/۰۷۵	۰/۰۹۹	۰/۰۸۷	۰/۰۶۵	***	۰/۰۶۸	۰/۰۶۲	MA
۰/۰۹۵	۰/۰۶۵	۰/۰۸۴	۰/۰۶۲	۰/۰۹۸	۰/۰۹۸	۰/۱۱۸	۰/۰۸۷	۰/۰۵۸	۰/۰۸۷	۰/۱۱۰	۰/۰۷۷	***	۰/۰۳۵	۰/۰۳۹	۰/۰۷۷	SA
۰/۰۵۷	۰/۰۷۴	۰/۱۰۲	۰/۰۵۵	۰/۰۶۶	۰/۰۹۹	۰/۱۷۹	۰/۰۵۲	۰/۰۶۸	۰/۰۴۶	۰/۱۱۲	***	۰/۰۷۲	۰/۰۷۶	۰/۰۹۹	۰/۱۰۲	GH
۰/۱۰۲	۰/۰۸۵	۰/۰۷۲	۰/۰۵۲	۰/۱۱۲	۰/۰۴۷	۰/۰۶۴	۰/۱۱۰	۰/۰۷۸	۰/۱۱۱	***	۰/۰۸۷	۰/۰۹۰	۰/۰۸۶	۰/۰۹۹	۰/۱۳۵	GA
۰/۱۱۰	۰/۰۹۶	۰/۰۲۵	۰/۰۵۳	۰/۱۲۳	۰/۰۵۲	۰/۰۳۸	۰/۱۲۳	۰/۰۹۷	***	۰/۱۱۵	۰/۰۳۵	۰/۰۹۲	۰/۰۲۵	۰/۰۵۴	۰/۱۳۵	AS
۰/۱۱۲	۰/۰۹۹	۰/۰۵۲	۰/۰۵۶	۰/۱۴۵	۰/۰۵۵	۰/۰۷۸	۰/۱۲۴	***	۰/۱۲۵	۰/۱۱۰	۰/۰۶۸	۰/۰۹۵	۰/۰۸۱	۰/۰۶۵	۰/۱۳۱	DD
۰/۱۲۳	۰/۱۱۱	۰/۱۱۲	۰/۰۹۸	۰/۱۶۸	۰/۰۵۵	۰/۰۹۸	***	۰/۱۰۰	۰/۱۱۷	۰/۰۹۹	۰/۰۷۹	۰/۰۶۸	۰/۰۸۲	۰/۰۲۱	۰/۱۳۲	BO
۰/۱۰۵	۰/۰۵۲	۰/۱۱۸	۰/۰۹۷	۰/۱۲۴	۰/۰۵۶	***	۰/۱۲۴	۰/۰۹۸	۰/۱۲۸	۰/۰۷۹	۰/۰۴۵	۰/۰۷۵	۰/۰۸۷	۰/۰۶۵	۰/۱۳۷	GL
۰/۱۱۰	۰/۰۸۹	۰/۰۳۵	۰/۱۱۰	۰/۱۲۷	***	۰/۰۹۹	۰/۱۱۰	۰/۰۸۹	۰/۱۳۰	۰/۰۷۰	۰/۰۹۷	۰/۰۲۷	۰/۰۹۹	۰/۰۶۴	۰/۱۲۴	KL
۰/۰۹۸	۰/۰۸۷	۰/۰۸۵	۰/۱۰۶	***	۰/۰۶۹	۰/۱۲۱	۰/۱۰۲	۰/۰۸۷	۰/۱۰۱	۰/۰۶۸	۰/۰۹۸	۰/۰۲۸	۰/۰۹۸	۰/۰۶۵	۰/۱۳۲	KK
۰/۰۵۷	۰/۰۶۶	۰/۰۹۶	***	۰/۱۳۵	۰/۰۹۸	۰/۱۲۳	۰/۱۱۱	۰/۰۷۵	۰/۰۹۸	۰/۰۲۸	۰/۱۰۵	۰/۰۷۵	۰/۰۸۸	۰/۰۶۶	۰/۱۳۲	BL
۰/۱۱۴	۰/۰۹۸	***	۰/۱۲۳	۰/۱۱۰	۰/۰۸۷	۰/۱۲۴	۰/۱۲۴	۰/۰۷۲	۰/۰۸۷	۰/۰۱۹	۰/۱۰۲	۰/۰۷۲	۰/۰۸۵	۰/۰۶۶	۰/۱۲۴	KH
۰/۰۶۲	***	۰/۰۸۷	۰/۰۹۸	۰/۱۰۳	۰/۰۳۶	۰/۰۹۸	۰/۱۳۱	۰/۰۵۸	۰/۰۸۴	۰/۰۳۸	۰/۱۰۱	۰/۰۵۸	۰/۰۶۵	۰/۰۸۷	۰/۰۸۵	BG
***	۰/۰۲۷	۰/۰۷۰	۰/۰۸۷	۰/۱۲۴	۰/۰۴۸	۰/۱۱۰	۰/۰۹۹	۰/۰۹۸	۰/۰۵۷	۰/۰۲۷	۰/۰۹۸	۰/۰۶۸	۰/۰۶۲	۰/۰۶۶	۰/۰۸۱	MD

* بالای محور قطری: بر اساس نشانگر ISSR؛ پائین محور قطری: بر اساس نشانگر RAPD.

جدول ۵- تجزیه واریانس مولکولی بر اساس آغازگرهای RAPD و ISSR در ۱۰۹ ژنوتیپ از ۱۶ جمعیت *Tortrix viridana*

N_m	Φ_{ST}	درصد اجزاء واریانس	اجزاء واریانس	میانگین مربعات	مجموع مربعات	درجه آزادی	منبع تغییرات
ISSR							
۰/۴۶۱	۰/۲۶	۲۱	۵/۹۸	۱۱۲/۸۶**	۴۰۹۴/۸۸	۱۷	بین جمعیتی
-	-	۷۹	۲۲/۵۲	۲۲/۵۵	۸۰۴۵/۱۶	۲۴۷	درون جمعیتی
RAPD							
۰/۵۲۷	۰/۱۸	۱۴	۲/۵۳	۴۵/۳۳**	۱۰۱۲/۹۱۰	۱۷	بین جمعیتی
-	-	۸۶	۱۵/۴	۱۵/۲۰	۵۰۴۶/۶۱۵	۲۴۷	درون جمعیتی

** معنی دار در سطح یک درصد

نشانگرهای ISSR ۰/۴۶۱ و بر اساس نشانگرهای RAPD ۰/۵۲۷ برآورد شد (جدول ۵).

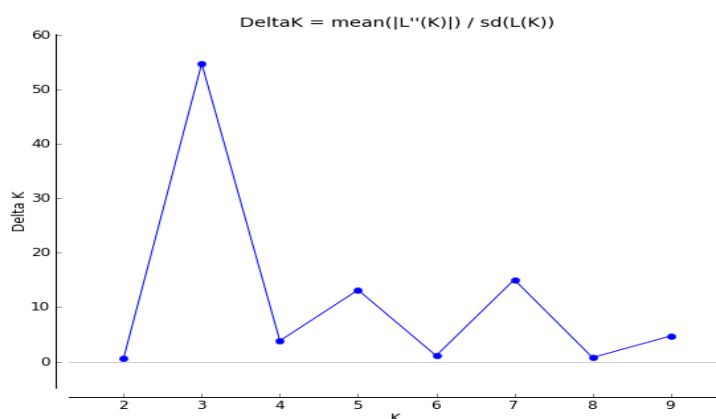
در تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از نرم افزار STRUCTURE، با توجه به بالاترین مقدار عددی ΔK (شکل ۳)، جمعیت‌های لاروهای پروانه جوانه خوار بلوط مورد مطالعه به ۳ گروه تقسیم شدند، که بیشتر آن‌ها بر مبنای مناطق جغرافیایی جمع‌آوری شده بودند؛ هرچند برخی از نمونه‌ها نتوانستند براساس محل جغرافیایی جمع‌آوری شده از هم تفکیک شوند. همان‌طور که در شکل ۴ مشاهده می‌شود، هر ژنوتیپ و کد مربوط به آن، با ستون رنگی عمودی مشخص شده است. وجود بیش از یک رنگ بیانگر ساختار ژنتیکی مختلط است و این وضعیت در بین

تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) داده‌های حاصل از آغازگرهای ISSR نشان داد که ۷۹ درصد از تنوع ژنتیکی آشکار شده توسط نوارهای حاصل از این نشانگر ناشی از تنوع درون جمعیت‌ها و ۲۱ درصد باقی‌مانده مربوط به تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌هاست. به‌طور مشابه، براساس تجزیه واریانس مولکولی داده‌های آغازگرهای RAPD به ترتیب ۸۶ درصد و ۱۴ درصد از تنوع ژنتیکی کل آشکار شده ناشی از تنوع درون و بین جمعیت‌هاست. شاخص تمایز بین جمعیت‌ها (Φ_{ST}) بر مبنای آغازگرهای ISSR و IRAP به ترتیب برابر با ۰/۲۶ و ۰/۱۸ برآورد شد. هم‌چنین مقدار جریان ژنی بین جمعیت‌ها بر اساس

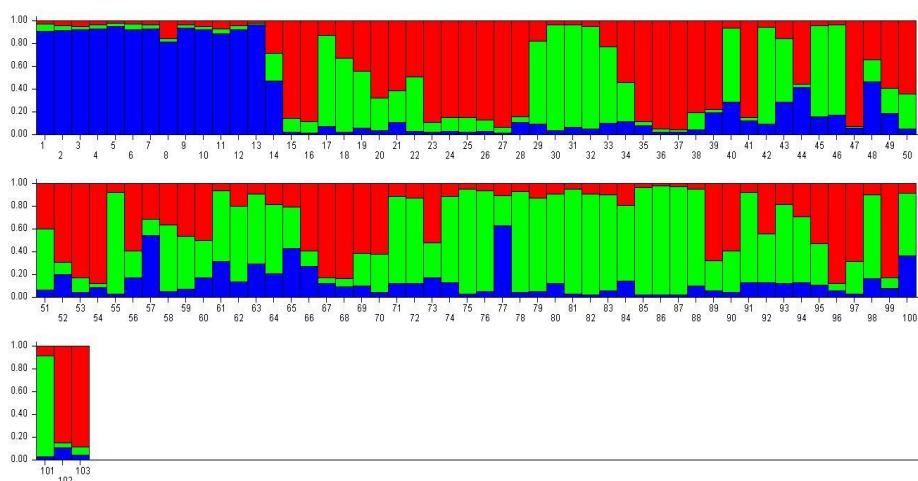
آغازگر، درصد نوارهای چندشکل، تعداد متوسط نوار چندشکل به ازای هر آغازگر، و شاخص اطلاعات چندشکلی در آغازگرهای ISSR بیشتر از آغازگرهای RAPD است. اما شاخص نشانگر که بیانگر کارآمدی یک سیستم نشانگری است، به طور معنی‌داری در نشانگر RAPD بیشتر از نشانگر ISSR است؛ که نشان‌دهنده این است که آغازگرهای RAPD در آشکارسازی چندشکلی در این جمعیت‌ها سودمندی بیشتری دارند. با وجود این، بر اساس سطح چندشکلی آشکارشده توسط نشانگرهای ISSR که بیشتر از آغازگرهای RAPD است، می‌توان نتیجه گرفت که هر دو سیستم نشانگری در مطالعه تنوع ژنتیکی این آفت بلوط کارآمد هستند.

نمونه‌های مورد بررسی مشهود است؛ به بیانی دیگر ساختار ژنتیکی مختلط نمونه‌ها، بیانگر شباهت ژنتیکی آن‌ها با زیرجمعیت‌های دیگر است که می‌تواند دلیل بر میزان اختلاط ژنتیکی نمونه‌های هر جمعیت براساس مهاجرت و فاصله پروازی پروانه جوانه‌خوار بلوط باشد.

در مقایسه کارایی دو نشانگر مورد استفاده در این مطالعه (ISSR و RAPD)، نشانگرهای ISSR در مجموع ۱۲۱ نوار چندشکل و نشانگرهای RAPD نیز ۹۹ نوار چندشکل را تکثیر کردند. در جدول ۶ خلاصه پارامترهای مختلف نشانگری به دست آمده از این دو سیستم نشانگری نشان داده شده است. مقدار پارامترهایی همچون میانگین تعداد آلل مشاهده‌شده، تعداد نوار به ازای هر



شکل ۳- تعیین تعداد بهینه K یا تعداد گروه‌ها براساس نتایج تجزیه ساختار در نرم‌افزار Structure



شکل ۴- تجزیه ساختار ژنتیکی جمعیت‌های پروانه جوانه‌خوار بلوط بر اساس مدل بیزین حاصل از داده‌های ISSR و RAPD

جدول ۶- مقایسه شاخص‌های مختلف چندشکلی و تنوع ژنی سیستم‌های نشانگری ISSR و RAPD در ۱۶ جمعیت *Tortrix viridana*

پارامتر	ISSRs	RAPDs
تعداد کل نوار تکثیرشده	۱۲۷	۱۰۵
تعداد نوار چندشکل	۱۲۱	۹۹
درصد نوارهای چندشکل	۹۳/۸	۹۴/۷
میانگین تعداد نوار در هر آغازگر	۱۲/۷	۱۳/۱
میانگین تعداد نوار چندشکل در هر آغازگر	۱۲/۱	۱۲/۳
شاخص اطلاعات شانون	۰/۲۶	۰/۳۰
هتروزیگوسیتی کل	۰/۱۷	۰/۲۰
ضریب تمایز ژنتیکی (Gst)	۰/۲۶	۰/۱۸
جریان ژنی	۰/۴۶۱	۰/۵۲۷
محتوای اطلاعات چندشکلی	۰/۴۰	۰/۲۸

بحث

راه‌کارهای مؤثر برای کنترل آفات بر درک سیستماتیک پویایی جمعیت هر آفت مبتنی است. هر چه درباره چگونگی سازگاری جمعیت‌های آفات به یک یا انواع میزبان‌های اختصاصی خود بدانیم، به طراحی موفق‌تر و مؤثرتر راه‌کارهای مدیریتی مبارزه با آن آفت با حداقل تخریب نظام اکولوژیکی یک سیستم که آفت نیز جزو آن است، نزدیک‌تر خواهیم شد (Bhau et al. 2014). به‌طور سنتی، از ویژگی‌های ریختاری و فنوتیپی برای ارزیابی تنوع در جمعیت‌های آفت و جانوران استفاده شده است. از آنجا که این مشخصه‌ها اغلب توسط چند ژن کنترل و تحت تأثیر محیط و تغییرات آن هستند، لذا تغییرات بین ژنوتیپ‌ها بر اساس این صفات تغییراتی واقعی و قابل‌اعتماد نیستند (Falconer 1986). بنابراین، ارزیابی تنوع ژنتیکی یکی از محورهای کلیدی برای توسعه هر استراتژی در راستای کنترل آفات است. این مهم به‌دلایل مختلفی از جمله پی‌بردن به میزان جریان ژنی و دوری و نزدیکی ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف کلیدی است (Nagaraju and Singh 1997). انتخاب نوع سیستم نشانگر می‌تواند تأثیر مهمی بر آنالیز و برهم‌کنش و ارتباط داده‌های به‌دست آمده داشته باشد. با توجه به این نکته‌های مهم، این مطالعه با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مختلف پروانه جوانه‌خوار بلوط در بخش‌هایی از جنگل‌های زاگرس شمالی انجام گرفت. آگاهی از پراکنش تنوع ژنتیکی در جمعیت آفات به شناخت بهتر خصوصیات رفتاری و زیست‌شناسی آن‌ها کمک می‌کند (Loxdale et al. 1993). یکی از راه‌هایی که به خوبی امکان

مشخص کردن تنوع جمعیتی و وجود زیرگونه‌های احتمالی را مشخص می‌کند استفاده از نشانگرهای مولکولی است (Ardeh 2008). مطالعات جمعیت یک موجود زنده، پیش‌نیاز تعریف برنامه‌های بعدی برای کنترل مؤثر آن است. در مطالعات ساختار جمعیت سعی بر این است که با بررسی جنبه‌هایی مانند صفات ریخت‌شناسی، مشخصه‌های آنزیمی و یا ماده وراثتی، اختلاف‌های موجود بین جمعیت‌های درون گونه که ترجیح پایه و اساس ژنتیکی دارند، مشخص شوند. نتایج چنین مطالعاتی می‌تواند اطلاعات مفیدی را در زمینه عکس‌العمل‌های احتمالی موجود زنده در مقابل روش‌های کنترل مختلف ارائه دهد. مطالعه تاکسونومیک در سطح گونه به‌طور عمده شامل مقایسه جمعیت‌ها یا به‌عبارت صحیح‌تر مقایسه نمونه‌های مربوط به جمعیت‌های مختلف است و براساس چنین مقایسه‌هایی است که تصمیم‌گیری‌های مهم تاکسونومیک انجام می‌شود (Hamrick and Godt 1996). مطالعات اکولوژیکی انجام‌گرفته بر حشرات اطلاعات کاربردی و مفیدی را درباره ساختار ژنتیکی، جریان ژنی و تنوع ژنتیکی ناشی از برهم‌کنش آن‌ها با فاکتورهای محیطی زنده یا غیرزنده بدست می‌دهد (Jain et al. 2009). نشانگرهای ISSR و RAPD استفاده شده در این مطالعه هر دو نشان دادند که جمعیت‌های مورد مطالعه به‌لحاظ ژنتیکی متفاوت و متمایز از هم نیستند. این یافته با ماهیت رفتاری حرکتی لارو آفت پروانه جوانه‌خوار بلوط هم‌خوانی دارد، به‌طوری‌که از ظرفیت جابجایی و نقل مکان محدودی برخوردار است. اگرچه پروانه‌های بالغ بال کارکردی دارند اما الگوی جابجایی در مسافت‌های طولانی ندارند.

Feritas et al. (2017) بر مقایسه تنوع ژنتیکی جمعیت‌هایی از پروانه آفت *Cotesia flavipes*، وجود چندشکلی در میان شش جمعیت مورد مطالعه برای چهار لوکوس از پنج لوکوس ریزماهورای گزارش شده است.

همچنین تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA)، که از آن به‌منظور کمی‌سازی سطح تنوع درون و بین جمعیت‌ها استفاده می‌شود (Feritas et al. 2017)، نشان داد که بخش بیشتر (بیشتر از ۷۰ درصد) تنوع ژنتیکی آشکارشده از داده‌های حاصل از هر دوی آغازگرهای ISSR و RAPD ناشی از تنوع درون جمعیت‌هاست. به طور مشابه، در مطالعه (Feritas et al. 2017) بر تنوع ژنتیکی پروانه آفت *C. flavipes* بیشتر بودن تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌های آفت (۷۵ درصد) نسبت به تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها (۲۵ درصد) گزارش شده است. تمایز بین جمعیت‌ها بر اساس شاخص برآورد شده از هر دو سیستم نشانگری مورد استفاده ملایم بود. در مطالعه بر روی *C. flavipes* نیز به‌طور مشابه تمایز ملایمی بین شش جمعیت مورد مطالعه مشاهده شده است (Feritas et al. 2017). نرخ جریان ژنی بین جمعیت‌ها بر اساس نشانگرهای ISSR ۰/۴۶۱ و بر اساس نشانگرهای RAPD ۰/۵۲۷ برآورد شد که با ضعیف بودن سطح تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌های مورد مطالعه همخوانی دارد. به‌طور مشابه، در مطالعه بر روی آفت *Cosmopolites sordidus* نویسندگان گزارش پایین بودن نرخ جریان ژنی برآورد شده را دلیل اصلی عدم تمایز قوی ژنتیکی جمعیت‌های مورد مطالعه می‌دانند (Yadav et al. 2017).

سهم و نسبت لوکوس‌های چندشکل معیار خوبی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی نیست (Nei 1987). معیار و شاخص مناسب‌تر برای این هدف میانگین هتروزیگوسیتی یا تنوع ژنی (h) است. مقادیر بالاتر هتروزیگوسیتی نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی وسیع‌تر هستند (Nei 1987)، به‌طوری‌که در این مطالعه تنوع ژنی در جمعیت نچی و باغان بیشترین و این نشان‌دهنده هتروزیگوسیتی بالاتر در این جمعیت‌ها است (جدول ۳). در مطالعه‌ای که بر روی یک جمعیت حساس و یک جمعیت مقاوم به آفت‌کش انجام شده بود، Janarthan et al. (2003) وجود یک باند اختصاصی را در جمعیت مقاوم به آفت‌کش شناسایی کردند. در مطالعه دیگری که بر روی

علاوه بر این، بلوط به‌عنوان میزبان اختصاصی این آفت نیز عامل دیگری است که باعث می‌شود آفت تمایلی به جابجایی در مسافت‌های طولانی نداشته باشد. تجزیه AMOVA نشان داد که تقریباً نیمی از تنوع ژنتیکی مشاهده‌شده ناشی از تنوع داخل جمعیت‌هاست. این وضعیت نشان می‌دهد که این آفت به دلیل محدودیت در جابجایی و پخش‌شدگی دارای جمعیت‌های لکه‌ای است. گونه‌های آفات قادرند جمعیت‌های لکه‌ای بزرگی تشکیل دهند و تنوع ژنتیکی را برای سازگاری حفظ کنند، که این یکی از استراتژی‌های اکولوژیکی موفق برای آفات است (Yadav et al. 2017).

دو سیستم نشانگری مبتنی بر DNA مورد استفاده در این مطالعه یعنی روش توالی‌های تکراری ساده میانی یا ISSR و روش DNA چندشکل تصادفی تکثیر یافته یا RAPD (Williams et al. 1990) نوعی انگشت‌نگاری DNA هستند که در آن‌ها طیف وسیعی از قطعات از الگوی DNA کل ژنومی تولید می‌شود. تکرارپذیری قطعات تکثیرشده در هر دو روش به اثبات رسیده است (Weeden et al. 1992) و نتایج حاصل از این روش‌ها تا حدود زیادی با یافته‌ها و نتایج به‌دست آمده از روش RFLP همخوانی دارد (Thormann and Osborn 1992). از روش RAPD برای ارزیابی چندشکلی ژنتیکی در آفیدها (Black et al. 1992) بر روی سه تا پنج ژنوتیپ در هر جمعیت استفاده شده است. (Kambhampati et al. 1992) نشان دادند که نشانگرهای RAPD به تعداد کافی چندشکلی را برای تمایز بین جمعیت‌ها و گونه‌ها آشکار می‌کنند. در اندازه‌های بزرگ‌تر جمعیت‌ها، نشانگرهای RAPD را می‌توان برای بررسی ساختار ژنتیکی و همچنین بررسی سازوکار حفظ تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها به کار گرفت (Skinner and Camacho 1995). در این مطالعه نیز هر دوی نشانگرهای ISSR و RAPD با آشکارسازی سطح کافی از چندشکلی ژنوتیپ‌ها و همچنین جمعیت‌های این آفت را از هم متمایز کنند، به‌طوری‌که نشانگرهای ISSR در مجموع ۱۲۱ نوار چندشکل و نشانگرهای RAPD نیز ۹۹ نوار چندشکل را تکثیر کردند، که برای سودمندی یک نشانگر که بایستی حداقل ۵۰ نوار چندشکل برای برآوردی دقیق از فواصل ژنتیکی تکثیر کند، کافی است (Nei 1978). با هدف کنترل بیولوژیکی این آفت، در مطالعه

به عنوان کل، بسیار مهم است به طوری که می توان با این اطلاعات دوره های طغیان آفت را پیش بینی کرد (Byrne 1999). از آنجا که در این مطالعه نشان داده شد که دو سیستم نشانگری RAPD و AFLP هر دو برای مطالعه تنوع ژنتیکی در *T. viridana* کارآمد هستند، از آن ها می توان برای پایش ساختار جمعیت ها که انعکاسی از سازگاری موضعی آن ها به محیط جدید است، استفاده کرد. میزان مهاجرت آفت نیز برای مدیریت یکپارچه آفت مهم است، به ویژه هنگامی که ژنوتیپ هایی از جمعیت ها حامل ژن هایی برای مقاومت به آفت کش ها باشند. افزون بر این، بهره گیری از سیستم های نشانگری در مطالعه تنوع ژنتیکی آفات می تواند به شناسایی نشانگرهایی اختصاصی برای آفات مقاوم و حساس منجر شود که خود می تواند در پایش منظم و برنامه وار جمعیت های آفت کاربردی باشد (Behura 2006).

این مطالعه نشان داد که دو سیستم نشانگری مبتنی بر تکثیر تکرارپذیر قطعاتی از DNA یعنی ISSR و RAPD برای مطالعه تنوع ژنتیکی در جمعیت های *Tortrix viridana* در جنگل های زاگرس روش های کارآمدی هستند و چندشکلی کافی را آشکار کردند. اگرچه ۱۶ جمعیت انتخاب شده برای این مطالعه، به لحاظ جغرافیایی متفاوت بودند اما به لحاظ ژنتیکی به هم نزدیک هستند. یافته های مهم این مطالعه می تواند برای طراحی استراتژی های مناسب کنترل گسترش این آفت و مدیریت مقاومت به آفت کش های مورد استفاده از طریق شناسایی نوارهای منحصر بفرد در ژنوتیپ های مقاوم کاربردی باشد.

آفت مکنده دیگری (*Helopeltis theivora*) انجام گرفته بود، بین دو جمعیت مورد مطالعه برای این آفت چندشکلی گزارش شده است (Roy et al. 2009).

استراتژی هایی که در حال حاضر برای کنترل پروانه جوانه خوار به کار گرفته می شوند اغلب بر اقدامات زراعی و استفاده از آفت کش ها مبتنی هستند. اقدامات زراعی همچون به دام انداختن سیستماتیک پروانه های بالغ، نیاز به نیروی کار بالا دارد و مقرون به صرفه نیستند. روش های کنترل بیولوژیکی مثل استفاده از عوامل بیولوژیکی مانند قارچ های پارازیت و نماتدهای پارازیت هنوز مرسوم نیستند. افزون بر این هزینه های آن ها و کارایی محدود آن ها، کاربرد آن ها را در مقیاس وسیع با محدودیت مواجه کرده اند. بدین ترتیب، در حال حاضر مبارزه با این آفت اغلب بر استفاده از سموم ارگانوفسفره مبتنی است. با وجود این، استفاده ی بی رویه از این آفت کش ها می تواند به ظهور و پیدایش نژادهای مقاوم به سم در این آفت منجر شود (Collins et al. 1991). پتانسیل و توان یک آفت به تولید مثل و استقرار خود در یک محیط جدید متکی است. بدین ترتیب، اطلاع از جریان و پراکنش ژنی در آفات برای درک فاکتورهای دخیل در تقویت یا محدودیت سازگاری های مکانی، تکامل مقاومت به سم در آفت و محدودیت در گسترش آن کاربردی و سودمند است (Roy et al. 2009). وجود اطلاعات معتبر درباره جریان ژنی (پخش شدگی و گسترش دامنه جغرافیایی حضور و فعالیت آفت) و ارتباط آن با اقدامات مدیریت کنترل آفت، فاکتورهای محیطی و اکوسیستم

منابع

Ardeh MJ (2008) Molecular markers and their application in the science of entomology. Iranian Plant Protection Research Institute 117 pp. (In Farsi).
 Aylor DE, Irwin ME (1999) Aerial dispersal of pests and pathogens: implications for integrated pest management. *Agricultural and Forest Meteorology* 97:233-234.
 Behdad A (1988) Pests and diseases of forest trees and shrubs of Iran. Neshat Esfahan Publish. 385 pp. (In Farsi).
 Benecke M (1998) Random amplified polymorphic DNA (RAPD) typing of necrophagous insects (diptera, coleoptera) in criminal forensic studies: validation and use in practice. *Forensic Sci Int* 98:157-168.
 Bertin S, Guglielmino CR, Karam N, Gomulski LM, Malacrida AR, Gasperi G (2007) Diffusion of the Nearctic leafhopper *Scaphoideus titanus* Ball in Europe: a

consequence of human trading activity. *Genetica* 131:275-285.
 Bhau BS, Mech J, Borthakur S, Bhuyan M, Bhattacharyya PR (2014) Morphological and genetic diversity studies among populations of tea mosquito bug, *Helopeltis theivora* from Assam, India. *Molecular Biology Reports* 41:7845-7856.
 Black WC, DuTeau NM (1997) RAPD-PCR and SSCP analysis for insect population genetic studies. In: Crampton JM, Beard CB, Louis C (eds) *Molecular biology of insect disease vectors: a methods manual*. Chapman and Hall, New York, pp 361-373.
 Black WC, Duteau NM, Puterka GJ, Nechols JR, Pettorini JM (1992) Use of random amplified polymorphic DNA polymerase chain reaction (RAPD-PCR) to detect DNA

- polymorphisms in aphids (Homoptera: Aphididae). *Bulletin of Entomological Research* 82:151-159.
- Du Merle P (1999) Egg development and diapause: ecophysiological and genetic basis of phenological polymorphism and adaptation to varied hosts in the green oak tortrix, *Tortrix viridana* L. (Lepidoptera: Tortricidae). *J Insect Physiol* 45:599-611.
- Excoffier L, Smouse P, Quattro J (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131:479-491.
- Falconer DS (1986) *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman Press, London.
- Fazeli M, Abaei M (1989) *Tortrix viridana* L. in Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad province. *Plant Pests and Diseases*, 1:1-11. (In Farsi)
- Freitas FC, Castro AC, Barbosa N (2017) Characterization and comparison of genetic variation in *Cotesia flavipes* (Hymenoptera: Braconidae) mass reared for biological pest control using microsatellite markers. *Neotropical Entomology* 47:433-439.
- Hamrick JL, Godt MJ (1996) Effects of life history traits on genetic diversity in plant species, *Philosophical Transactions: Biological Sciences* 351:1291-1298.
- Hartmann G, Blank R (1992) Winterfrost, Kahlfraß und Prachtkäfer befall als Faktoren im Ursachenkomplex des Eichensterbens in Norddeutschland. *Forst Holz* 15:443-452.
- Horstmann K (1984) Untersuchungen zum Massenwechsel des Eich-enwicklers, *Tortrix viridana* L. (Lepidoptera: Tortricidae), in Un-terfranken. *Zeitschrift für Angewandte Entomologie* 98:73-95.
- Hunter MD (1990) Differential susceptibility to variable plant phenology and its role in competition between two insect herbivores on oak. *Ecological Entomology* 15:401-408.
- Hunter MD, Varley GC, Gradwell GR (1997) Estimating the relative roles of top-down and bottom-up forces on insect herbivore populations: a classic study revisited. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 94:9176-9181.
- Ivashov AV, Boyko GE, Simchuk AP (2002) The role of host plant phenology in the development of the oak leaf roller moth, *Tortrix viridana* L. (Lepidoptera: Tortricidae). *Forest Ecology and Management* 157:7-14.
- Jain SK, Neekhara B, Pandey D, Jain K (2009) RAPD marker system in insect study: A review. *Indian Journal of biotechnology*: 9:7-12.
- Jazirehi MH, Ebrahimi-Rastaghi M (2003) *Silviculture in Zagros*. Tehran University publications. (In Farsi).
- Kambhampati S, Black WC, Rai KS (1992) RAPD of mosquito species and populations: Techniques, statistical analysis and applications. *Journal of Medical Entomology* 29:939-945.
- Lewontin RC (1972) The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology* 6:381-398.
- Loxdale HD, Edwards O, Tagu D, Vorburger C (2017) Population genetic issues: new insights using conventional molecular markers and genomics tools. *Aphids as Crop Pests*, 2nd edn. (eds. H. F. van Emden and R. Harrington). CABI, Wallingford, Oxford, U.K, pp. 50-80.
- Marvi-Mohajer MR (2005) *Silviculture*. Tehran University publications. (In Farsi).
- Nagaraju JG, Singh L (1997) Assessment of genetic diversity by DNA profiling and its significance in silkworm, *Bombyx mori*. *Electrophoresis* 18:1676-1681.
- Nei M (1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 70:3321-3323.
- Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*: 89:583-590.
- Peakall R, Smouse PE (2006) GenAlEx6: genetic analysis in excel population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6:288-295.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.
- Sabeti HA (1995) *Forests, trees and shrubs of Iran*. Yaz University publications. (In Farsi).
- Schroeder H, Degen B (2008) Spatial genetic structure in populations of the green oak leaf roller, *Tortrix viridana* L. (Lepidoptera, Tortricidae). *Eur J Forest Res* 127:447-453.
- Schroeder H, Scholz F (2005) Identification of PCR-RFLP Haplotypes for Assessing Genetic Variation in the Green Oak Leaf Roller *Tortrix viridana* L. (Lepidoptera, Tortricidae). *Silvae Genetica* 54:17-24.
- Schroeder H, Yanbaev Y, Degen B (2010) A Very Small and Isolated Population of the Green Oak Leaf Roller, *Tortrix viridana* L., with High Genetic Diversity—How Does This Work?. *Journal of Heredity* 101:780-78.
- Simchuk AP, Ivashov AV, Companiytsev VA (1999) Genetic patterns as possible factors causing population cycles in oak leaf roller moth, *Tortrix viridana* L. *For Ecol Manage* 113:35-49.
- Skinner DZ, Camacho RF (1995) Genetic diversity within a potato leafhopper (Homoptera: Cicadellidae) population infest-ing alfalfa. *Journal of Kansas Entomological Society* 68:35-42.
- Thormann CE, Osborn TC (1992) Use of RAPD and RFLP markers for germplasm evaluation. In *Applications of RAPD Technology to Plant Breeding*, 9-11. Joint Publication of Crop Science Society of America, American Society of Horticultural Science, American Genetics Association.
- Wang X, Messing RH (2003) Intra- and interspecific competition by *Fopius arisanus* and *Diachasmimorpha tryoni* (hymenoptera: Braconidae), parasitoids of tephritid fruit flies. *Biological Control* 27:251-259.
- Weeden NF, Timmerman GM, Hemmat M, Kneen BE, Lodhi MA (1992) Inheritance and reliability of RAPD markers. In *Applications of RAPD Technology to Plant Breeding*, 12-17. Joint Publication of Crop Science Society of America, American Society of Horticultural Science, American Genetics Association.
- Wharton RA, Trostle MK, Messing RH, Copeland RS, Kimani-Njogu SW, Lux S, Overholt WA, Mohamed S, Sivinski J (2000) Parasitoids of medfly, *ceratitis capitata*, and related tephritids in kenyan coffee: a predominantly

koinobiont assemblage. Bulletin of Entomological Research 90:517-526.
Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV (1990) DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research 18:6531-6535.

Yadav S, Singh J, Padmanaban B, Kumar LS (2017) Genetic variability in Indian populations of banana corm weevil [*Cosmopolites sordidus* (Coleoptera: Curculionidae)] assessed by RAPDs and AFLPs. International Journal of Tropical Insect Science 37:149-162.