دراسة التنوع الوراثي بين مجتمعات حشرة السونة (*Eurygaster integriceps* Puton) في بعض دول وسط وغرب آسيا

لينا علي[1]، مصطفى البوحسيني[2]، شيبادا أودوبا[2]، مايكل باوم[2] ومحمد نايف السلتي[1]
(1) قسم وقاية النبات، كلية الزراعة، جامعة حلب، حلب، سورية، البريد الإلكتروني: lina7755@hotmail.com؛
(2) المركز الدولي للبحوث الزراعية في المناطق الجافة (إيكاردا)، حلب، سورية.

الملخص

علي، لينا، مصطفى البوحسيني، شيبادا أودوبا، مايكل باوم ومحمد نايف السلتي. 2010. دراسة التنوع الوراثي بين مجتمعات حشرة السونة (*Eurygaster integriceps* Puton) في بعض دول وسط وغرب آسيا. مجلة وقاية النبات العربية، 28: 1-8.

تم في هذا البحث دراسة التنوع الوراثي لمجتمعات حشرة السونة (*Eurygaster integriceps* Put.) في مجموعة من ستة دول (إيران، تركيا، كازاخستان، أوزبكستان، العراق وسورية). تم دراسة 19 مجتمعاً من حشرات السونة باستخدام تقانة التعدد الشكلي لطول قطع الـــDNA المضخمة Amplified Fragment Length Polymorphisms. تراوحت المسافة الوراثية ما بين 0.4275 (بين أنديجان من أوزبكستان وفارمين من إيران) و0.029 (بين كرمنشاه ومارفداشت في إيران). لم يكن هناك ارتباط معنوي بين المسافة الجغرافية والوراثية (R=0.27) وكان معامل الاختلاف الوراثي (G_{st}) بين المجتمعات ضمن البلدان صغيراً، حيث كانت أعلى قيمة في أوزبكستان (G_{st}=0.26) ومعدل تدفق العوامل الوراثية (الجينات) أو الهجرة بين المجتمعات كبيراً (Nm=3.9034) مشيراً إلى معدل الهجرة العالي بين البلدان. كما لوحظ بالاعتماد على تحليل المخطط العنقودي بأن أعلى قيمة للتنوع الوراثي كانت في أوزبكستان، وهذا يشير إلى أن أصل ومنشأ هذا الحشرة قد يكون من هذا البلد.

كلمات مفتاحية: التنوع الوراثي، تدفق العوامل الوراثية، *Eurygaster integriceps*، DNA، AFLP.

المقدمة

تعد حشرة السونة (*E. integriceps* Put.) في مقدمة الآفات التي تسبب أضراراً اقتصادية هامة للقمح والشعير في وسط وغرب آسيا (18). تمتص الحورية والحشرة الكاملة محتويات أنسجة النبات والحبوب مؤدية إلى انكماشها وخفة وزنها وتدني نسبة المادة النشوية فيها، وتفرز الحشرة عند تغذيتها على الحبوب إنزيمات تجزئ سلاسل البروتين إلى وحدات أصغر، مما يؤدي إلى تخرّب الغلوتين فيصبح الطحين الناتج عنها غير صالح للعجين (10). وترتكز مكافحة هذه الحشرة على طرائق المكافحة الكيميائية بشكل رئيس في العديد من مناطق زراعة القمح، مما أثر في التوازن البيئي، وأضر بمجتمعات الأعداء الحيوية المحلية بالإضافة إلى تكاليف استخدامها المرتفعة، كما تم تسجيل انخفاض فعالية المبيدات الحشرية في السنوات العشر الأخيرة، وذلك بسبب ظهور صفة المقاومة عند بعض السلالات الحشرية (18). في حين تعتمد الطرائق الحديثة في المكافحة على مختلف الإمكانات المتاحة من طرائق زراعية، وأعداء حيوية، وأصناف مقاومة بما في ذلك استخدام المميزات الوراثية التي يمكن أن تكون مفيدة جداً في هذا المجال (1). فوجود مجتمعات الآفة في بيئات متنوعة، مع تكيّفات مختلفة لظروفها البيئية، وربما استجابات مختلفة لنباتاتها العائلة وأعدائها الطبيعية بالإضافة إلى حساسيتها للمبيدات الحشرية، يمكن أن تقود لمجتمعات مختلفة وراثياً، وهذا قد يحتاج إلى استراتيجيات مكافحة مختلفة تؤثر في المجتمعات المتباينة (1). تسهم البصمة الوراثية للحشرة في تحديد صفاتها ومميزاتها، من حيث اختلاف قدرتها على التغذية والتكاثر على عوائل محددة (12). لذلك هدف هذا البحث إلى دراسة التنوع الحيوي لمجتمعات حشرة السونة في بعض دول وسط وغرب آسيا باستخدام تقانة التعدد الشكلي لطول قطع الحمض النووي DNA المضخمة Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLP).

مواد البحث وطرائقه

المادة الحشرية

جمعت العينات الحشرية من عدة مواقع من الدول المشمولة بالدراسة وهي: إيران (خراسان، فارماين، كرمنشاه ومارفداشت)، كازاخستان (كازغارت والمعطي)، تركيا (إيدرين، كانيكال وكونيا)، أوزبكستان (سمرقند، أنديجان، غالورول وجيزاك)، العراق (النجف والديوانية)، وسورية (تل حديا، إعزاز، القامشلي ودمشق). تم استبعاد الحشرات الميتة، في حين خزنت الحشرات الحية مباشرة عند درجة حرارة -80 ^{o}س.

عزل الحمض النووي DNA

عزل الحمض النووي DNA لكامل المجين من جسم الحشرة بطريقة CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide) (1)، وتم تقدير جودته بوساطة جهاز رحلان كهربائي أفقي وباستخدام هلام الآجار نسبة1% وبمعاملة الهلام بملح بروميد الإيثيديوم تركيزه 0.5 ميكروغرام/ميلليتر، حيث تم مقارنة تركيزها مع عينات DNA قياسية (DNA Lambda Marker). تم قياس كمية الحمض النووي DNA بوساطة جهاز مقياس الطيف الضوئي Spectrophotometer عند موجة بطول 260 و280 نانومتر.

تقانة التعدد الشكلي لطول قطع الـــDNA المضخمة (AFLPs)

تعتمد هذه التقانة على عملية تضاعف انتخابي لمجموعة من قطع الـــDNA الناتجة عن أنزيمات الهضم/التحديد، حيث تضمنت هذه التقانة عدة خطوات: أولاً مرحلة هضم (Digestion) الحمض النووي DNA باستخدام أنزيمي الهضم/التحديد *Tru*9I و*Pst*I، ثم مرحلة ربط (ligation) طرفي الحمض النووي DNA المهضوم بوصلات طرفية *Mse*I Adapter و*Pst*I Adapter، تلتها مرحلة التضاعف الأولي (Pre-amplification) باستخدام البادئات M00 وP00، وأخيراً التضاعف الانتخابي (selective amplification)، باستخدام 6 مجموعات من البادئات وهي: P11+M42، P11+M301، P81+M42، P81+M301، P237+M301 وP237+M42. أجري التضاعف الانتخابي باستخدام جهاز الـــPCR وفق البرنامج التالي: 30 ثانية عند حرارة 94 °س، 30 ثانية عند حرارة 65 °س، دقيقة واحدة عند حرارة 72° س لمدة دورة واحدة ثم تتبع بـــ11 دورة تخفض خلالها درجة حرارة الالتحام Annealing بمعدل 0.7 °س لكل دورة ثم تتبع بالبرنامج التالي: 30 ثانية عند درجة حرارة 94 °س، 30 ثانية عند حرارة 56 °س، دقيقة واحدة عند درجة حرارة 72 °س لمدة 23 دورة. أخذ 5 ميكروليترات من نواتج الـــPCR السابق وأضيف إليها 5 ميكروليترات من محلول التحميل (Loading Buffer)، ثم فصلت سلاسل الـــDNA الثنائية إلى أحادية السلسلة عند حرارة 96° س لمدة 10 دقائق قبل تمريرها على جهاز رحلان كهربائي ($Technologies_{TM,}$ G_{IBCO} BRL Sequencing System, Model S2) باستخدام هلام الأكريلاميد بتركيز 6% لمدة ساعتين وبعد ذلك صبغ الهلام بواسطة نترات الفضة.

التحليل الإحصائي

سجل تباين حزم الحمض النووي DNA المضخمة إما 1 أو 0 واستعمل برنامج POPgene النسخة 1.31 لإجراء كافة التحاليل الإحصائية (29). حسب معامل البعد الوراثي Nei's Genetic distance, a dissimilarity index بين المجتمعات لكل البادئات باستخدام معامل Nei's (14) الذي يعتمد على حساب المسافة الوراثية بين المجتمعات بالاعتماد على الـــ81 موقع لكل المجتمعات. كما أجري التحليل العنقودي (Cluster analysis) ورسم مخطط البعد الوراثي بالاعتماد على معامل البعد الوراثي (UPGMA= Unweighted Pair-Group Method using an arithmetic Average) (14، 26).

أما تحليل التنوع الوراثي فقد تم حسابه عن طريق تقدير توزع الاختلاف خلال المجتمعات وبين المجتمعات ضمن البلدان أو المجموعات، عن طريق برنامج POPgene النسخة 1.3 (28)، حسب المعادلات التالية (16):

التنوع الوراثي الكلي للمجتمعات(H_t)= التنوع الوراثي ضمن المجتمعات (H_s) + التنوع الوراثي بين المجتمعات (D_{st})

معامل الاختلاف الوراثي (G_{st})= التنوع الوراثي بين المجتمعات (D_{st}) ÷ التنوع الوراثي الكلي للمجتمعات (H_t)

تتراوح قيم معامل الاختلاف (G_{st}) من 0–1 حيث 0= لا يوجد اختلافات بين المجتمعات و1= وجود اختلافات كبيرة بينها (14، 15).

تدفق الجين بين المجتمعات (Nm) حيث N = حجم المجتمع، m =نسبة الأفراد المهاجرة ضمن المجتمع، ويحسب من المعادلة التالية (3):

$$Nm=0.5\ [(1/G_{st})-1]$$

فإذا كانت قيمة Nm أقل من 1 فهذا يعني أن الاختلافات الوراثية موجودة بين المجتمعات المحلية، أما إذا كانت قيمة Nm أكبر من 1 فهذا يعني أن هناك اختلافات وراثية محلية قليلة بين المجتمعات، ويعود سبب الاختلافات إلى نسبة عالية من الهجرة تجاه هذه المجتمعات.

النتائج

نتائج جودة الحمض النووي DNA والبادئات المستخدمة

ظهرت حزم الـــDNA غير مقطعة على هلامة الآجار وهذا يدل على أن نوعية DNA جيدة، كما أظهرت قراءات المطياف الضوئي كمية تقريبية للـــDNA تراوحت بين 1.6 و 2 في معظم العينات والذي يدل على أن نوعية الـــDNA جيدة (23).

استطاعت ثلاث مجموعات من البادئات أن تنتج حزم لمجتمعات السونة وهي P237+M42، P237+M301 وP81+M42 ولكن المجموعة الأخيرة هي التي أظهرت حزماً متباينة بين العينات الحشرية، أما المجموعتين الأولى والثانية فكانت الحزم الناتجة

متشابهة في الأوزان الجزيئية، بينما أخفقت البادئات الأخرى في إنتاج الحزم.

المسافة الوراثية بين المجتمعات

أظهرت النتائج أن أكبر مسافة وراثية GD (0.4275) وجدت بين أنديجان في أوزبكستان وفارمين في إيران وأصغر مسافة وراثية GD (0.029) وجدت بين كرمنشاه ومارفداشت في إيران.ولم تظهر علاقة ارتباط بين المسافة الوراثية والمسافة الجغرافية (R=0.27) (جدول 1).

التنوع الوراثي بين المجتمعات

أظهرت النتائج بالاعتماد على معامل التنوع الوراثي تنوعاً وراثياً كبيراً ضمن المجتمعات والبلدان المدروسة، وكانت أعلى قيمة لمعامل التنوع الوراثي (35%) لدى مجتمع سمرقند في أوزبكستان وأقل قيمة (14%) لدى مجتمع أنديجان من أوزبكستان وبلغت قيمة المواقع المتباينة 77 موقعاً لدى مجتمع سمرقند من أصل 81 موقعاً مدروساً، وعدد المؤشرات المتباينة (1.5905±0.2984) من المؤشرات الملاحظة (1.9506±0.218). وكانت أعلى قيمة للمواقع الوراثية المتباينة فكانت لدى مجتمع كاناكيل في تركيا وكازغارت في كازاخستان(80 موقعاً)، وكان عدد المؤشرات المتباينة (1.5103±0.2739) من المؤشرات الملاحظة (1.9877±0.1111) في كازغارت، وكان عدد المؤشرات المتباينة (1.5785±0.3041) من المؤشرات الملاحظة (1.9877±0.1111) في كاناكيل. في حين كانت أقل قيمة للمواقع الوراثية المتباينة (40 موقعاً) لدى مجتمع أنديجان، وكان عدد المؤشرات المتباينة (1.2298±0.3252) من المؤشرات الملاحظة (1.4938±0.5031). (جدول 2).

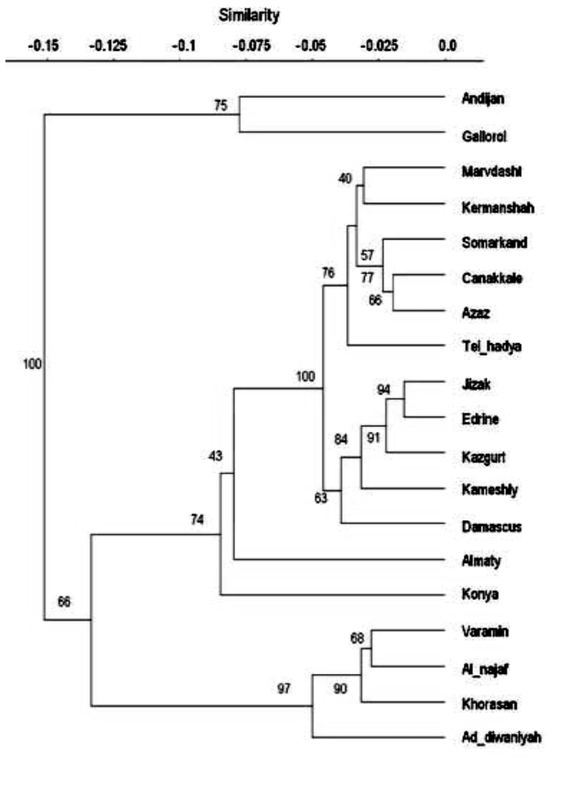
التنوع الوراثي ضمن المجتمعات بين المجموعات (البلدان)

أظهرت النتائج أن أعلى قيمة للتنوع الوراثي الكلي كانت في سورية (36%) وأدنى قيمة في العراق (23%) (جدول 3). ويختلف إسهام التنوع الوراثي ضمن المجموعات بين البلدان المتباينة، حيث كان أعلى قيمة للتنوع الوراثي ضمن المجموعات (32%) في كازاخستان وسورية، وأقل قيمة للتنوع الوراثي ضمن المجموعات 20% في العراق. وكان معامل الاختلاف الوراثي (G_{st}) صغيراً في كل البلدان وكانت أعلى قيمة موجودة في أوزبكستان (0.26). في حين كانت نسبة تدفق الجين أو الهجرة (Nm) عالية، حيث بلغ متوسط هذه النسبة 3.9034، تراوحت نسبة الهجرة من 1.3686 في أوزبكستان إلى 5.0278 في العراق.

المخطط العنقودي

أوضح المخطط العنقودي وجود بعض المجتمعات التي تنتمي للبلد نفسه متقاربة من بعضها. وبعض المجتمعات المنتمية لدول مختلفة متقاربة من بعضها. وتميز المخطط العنقودي بعدة محاور:

1. العنقود الأول: يحتوي على مجتمعي النجف والديوانية من العراق المتقاربين من بعضهما والموجودين بالقرب من مجتمعي فارمين وخراسان من إيران.
2. العنقود الثاني: يحتوي على مجتمعي مارفداشت وكرمنشاه من إيران بالقرب من مجتمعات اعزاز من سورية مع كاناكيل من تركيا وسمرقند من أوزبكستان.
3. العنقود الثالث يحتوي على مجتمعات تل حديا ودمشق من سورية.
4. العنقود الرابع: يحتوي على مجتمعات كازغارت من كازاخستان مع إيدرين من تركيا بالقرب من جيزاك من أوزبكستان وهذه المجتمعات الثلاثة تنشأ من مجتمع القامشلي من سورية.
5. العنقود الخامس: يحتوي على مجتمعي أنديجان وغالورول من أوزبكستان واللذين يظهران أبعد مسافة وراثية عن بقية المجتمعات.



شكل 1. المخطط العنقودي (UPGMA Cluster) بالاعتماد على معامل البعد الوراثي.

Figure1. UPGMA cluster based on dissimilarity index (13).

جدول 1. الاختلافات الوراثية حسب قياسات فاي (Nei, 1972)، والعلاقة بين المسافة الوراثية (بالأعلى) والمسافة الجغرافية (بالأسفل).

Table 2. Genetic dissimilarity based on Fay measurements (Nei 1972), and the relationship between genetic distance (GD) (upper part) and geographic distance km (lower part).

19	18	17	16	15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	*1	AFLP
0.250	0.232	0.19	0.190	0.278	0.237	0.211	0.251	0.196	0.195	0.232	0.327	0.381	0.192	0.162	0.067	0.071	0.053	0	***1**
0.179	0.177	0.140	0.130	0.218	0.154	0.156	0.230	0.132	0.157	0.148	0.279	0.377	0.160	0.110	0.054	0.067	0	57	**2**
0.249	0.231	0.187	0.204	0.255	0.247	0.209	0.270	0.215	0.197	0.234	0.332	0.428	0.197	0.153	0.05	0	663	711	**3**
0.232	0.229	0.156	0.185	0.267	0.216	0.187	0.234	0.188	0.169	0.203	0.280	0.357	0.181	0.133	0	435	439	456	**4**
0.064	0.087	0.057	0.051	0.131	0.057	0.049	0.113	0.048	0.056	0.064	0.135	0.200	0.029	0	1003	704	885	941	**5**
0.089	0.092	0.088	0.086	0.167	0.086	0.071	0.133	0.074	0.079	0.096	0.131	0.172	0	879	163	421	299	329	**6**
0.259	0.249	0.224	0.223	0.332	0.287	0.191	0.257	0.267	0.225	0.286	0.054	0	2182	1859	2157	1763	2414	2466	**7**
0.181	0.187	0.143	0.132	0.205	0.191	0.138	0.234	0.177	0.155	0.191	0	390	1794	1531	1766	1376	2032	2082	**8**
0.083	0.069	0.081	0.081	0.153	0.034	0.083	0.171	0.031	0.072	0	20	372	1813	1550	1785	1396	2051	2102	**9**
0.107	0.096	0.046	0.086	0.174	0.097	0.058	0.115	0.062	0	77	57	438	1744	1473	1720	1326	1979	2030	**10**
0.073	0.057	0.068	0.065	0.127	0.031	0.064	0.142	0	293	226	241	359	1935	1747	1890	1526	2189	2237	**11**
0.153	0.174	0.104	0.143	0.227	0.164	0.088	0	583	783	708	728	382	2510	2237	2471	2097	2756	2806	**12**
0.073	0.091	0.033	0.066	0.132	0.095	0	4389	3822	3737	3787	3772	4149	2224	3073	2152	2583	2196	2144	**13**
0.074	0.058	0.101	0.071	0.138	0	172	4395	3833	3761	3809	3794	4167	2300	3160	2218	2644	2292	2242	**14**
0.103	0.167	0.160	0.085	0	772	672	3815	3237	3128	3183	3167	3551	1556	2400	1492	1927	1524	1473	**15**
0.059	0.096	0.084	0	518	1286	1190	3404	2821	2686	2746	2729	3118	1048	1883	1000	1435	1007	956	**16**
0.108	0.110	0	65	491	1250	1162	3391	2809	2680	2739	2722	3110	1066	1912	1009	1444	1042	993	**17**
0.114	0	386	396	855	1579	1511	3008	2426	2294	2353	2336	2724	723	1597	641	1073	777	740	**18**
0	556	352	287	687	1450	1330	3495	2912	2752	2816	2798	3188	1036	1797	1033	1451	914	857	**19**

* 1= النجف، 2= الديوانية، 3= خراسان، 4= فارمين، 5= مارفداشت، 6= كرمنشاه، 7= أنديجان، 8= غالورول، 9= جيزاك، 10= سمرقند، 11= كازغارت، 12= المعطي، 13= ايدرين، 14= كاناكيل، 15= كونيا، 16= دمشق، 17= إعزاز، 18= تل حديا، 19= القامشلي.

* 1= Al-Najaf, 2= AdDewaniyeh, 3= Khorasan, 4= Varamin, 5= Marvadasht, 6= Kermanshah, 7= Andijan, 8= Gallorol, 9= Jizak, 10= Somarkand, 11= Kazgurt, 12= Almaty, 13- Edrine, 14= Canakkale, 15= Konya, 16= Damascus, 17= Azaz, 18= Tel-Hadya, 19= Kameshly

المناقشة

أظهرت النتائج أن أكبر مسافة وراثية كانت بين أنديجان من أوزبكستان وفارمين من إيران (GD=0.4275). وأصغر مسافة وراثية بين كرمنشاه ومارفداشت من إيران (GD=0.029). إلا أنه لا توجد علاقة ارتباط بين المسافة الوراثية والمسافة الجغرافية بين المجتمعات. وهذا ما أكدته إحدى الدراسات السابقة (1) من عدم وجود علاقة بين النموذج الجغرافي لمجتمعات حشرة السونة التي تم تحليلها بواسطة تقانة الـــRAPD، حيث بينت النتائج أن معامل التشابه بين مجتمعين من كرمنشاه من إيران كان 39.5، في حين تشابه مجتمع من سورية وأحد مجتمعي كرمنشاه بشكل كبير حيث بلغ معامل التشابه بينهما 41 فظهرا وكأنهما نسخ متطابقة، وعلى ذلك لا يمكن تفسير الاختلاف بالاعتماد على التوزيع الجغرافي لمجتمعات حشرة السونة، وهناك العديد من الدراسات الأخرى التي لم تلاحظ وجود علاقة بين المسافة الجغرافية والوراثية لحشرات مختلفة (5، 6، 7، 11،24) ولكن دراسات أخرى وجدت ارتباطاً موجباً بينهما (9، 17). أما بالنسبة للمسافة الوراثية ضمن المجتمعات بين البلدان فكان هناك ارتباط بين المسافة الوراثية والمسافة الجغرافية ضمن مجتمعات سورية وضمن مجتمعات تركيا فقط. وهذا يعود إلى المميزات البيئية ومميزات السلوك التي تؤثر في البنية الوراثية للمجتمعات. فبالنسبة للحشرات يؤثر سلوك الانتشار والمثابرة في المسكن بشكل كبير في الاختلافات بين المجتمعات (20). كما أن المسافة الوراثية يمكن أن تكون عالية في بعض الأجناس أو منخفضة في أجناس أخرى، كما يمكن أن يظهر هذا الاختلاف بين افراد الجنس الواحد (13).

فالاختلافات خلال المجتمعات يمكن أن تحدث لعدة أسباب مثل طريقة التكاثر، تاريخ النشوء والتطور، انجراف الجين وتأثيرات المنشأ أو اتحاد أكثر من سبب من الأسباب السابقة (27).

كما أظهرت النتائج أن قيمة التنوع الوراثي عالية خلال المجتمعات بين البلدان مثل كازاخستان، أوزبكستان، تركيا وسورية.

في حين كانت منخفضة في العراق وإيران بشكل عام. كان معامل الاختلاف الوراثي (G_{st}) بين المجتمعات ضمن البلدان صغيراً في كل البلدان ما عدا سورية (G_{st}=0.5) والذي يمكن أن يكون سببه تنوع الظروف البيئة السورية المختلفة من حيث درجات الحرارة والهطل المطري والتي تمتد من المنطقة الشمالية المتمثلة بحلب وتل حديا واعزاز، إلى منطقة الجزيرة المتمثلة بالقامشلي، إلى المنطقة الجنوبية المتمثلة بمدينة دمشق، وأيضاً اختلاف العوائل النباتية المزروعة في هذه المناطق وتكيفها مع هذه العوائل كما تكيفت دبابير الحنطة المنشارية *Cephus cinctus* بسرعة مع الغذاء والظروف البيئية المحيطة مترافقة مع درجة عالية للتنوع الحيوي خلال النوع (8، 11). كما يمكن أن تتأثر حركة السونة باتجاه الريح وخصوصاً خلال عملية هجرتها كما وجد ذلك في حشرة خنافس سوسة جوز القطن (2)، كما أن هجرة الإنسان بسبب الجفاف والنزاعات تسبب انتشار المواد النباتية المصابة لمسافات كبيرة، كما يتم الانتقال بوساطة معدات المزارعين، كما تسهم عمليات التبادل التجارية بانتقال جزء كبير من مجتمعات السونة مع الحبوب والقش (4).

في حين كانت نسبة تدفق الجين أو الهجرة عالية حيث بلغ متوسط هذه النسبة Nm=3.9034 وهذا يدل على أن الهجرة تحدث بنسبة كبيرة لهذه الحشرة. يعد تدفق الجين أو الهجرة القوة الثورية التي تشكل البنية الوراثية للمجتمعات (25) ونظرياً، يمكن أن تتأثر مستويات من تدفق الجين بين المجتمعات بعدد من العوامل تتضمن: الانتشار، استمرارية الموطن، مكان الموطن ورقعته، العلاقة بين الانعزال والظروف المناخية، ديناميكية انقراض المجتمعات وإعادة مستعمراتها (21).

ونظرياً يجب أن ينخفض تدفق الجين في معظم الكائنات الحية مع المسافة الجغرافية (13). ولكن وجد في دراسات عدة بأن مستويات تدفق الجين لم تنخفض مع المسافة وكانت العلاقة بين تدفق الجين والمسافة لمنطقتين مختلفتين (سواحل الخليج وسواحل المحيط الأطلسي في أمريكا الشمالية) لمجتمعات النطاط *Prokelisia* ssp. متشابهتين. كما أنه لا يوجد دليل على أن العزل الوراثي يزداد مع المسافة الجغرافية، فتدفق الجين الواسع يحدث على مقاييس مكانية أشد عظماً أو كبراً من الممكن توقعه، كما أن نقص العزل للمسافات الجغرافية التي تصل إلى 2000 كم يمكن أن تكون بشكل متماثل بسبب تأثيرات التجانس لتدفق الجين بين المجتمعات الأكثر بعداً (19). ولذلك ليست كل المجموعات الجغرافية معزولة بشكل كاف عن جيرانها ليكون لديها سلاسل DNA فريدة بشكل دقيق (22).

جدول 2. التنوع الوراثي لحشرة السونة خلال المجتمعات المدروسة، عدد المؤشرات، عدد المواقع الوراثية المتباينة، عدد المؤشرات الملاحظة، عدد المؤشرات الفعالة، معامل التنوع الوراثي.

Table 2. Genetic Diversity within populations of sunn pest: number of markers, number of polymorphic loci, observed number of markers, effective number of markers, and gene diversity.

عدد المؤشرات الفعالة ± SD Effective number of markers ± SD	معامل التنوع الوراثي Nei 1973(H) ± SD gene diversity ± SD	عدد المؤشرات الملاحظة ± SD Observed number of markers ± SD	نسبة المواقع المتباينة % Percentage of polymorphic loci %	عدد المواقع الوراثية المتباينة من أصل 81 موقعاً No. of polymorphic loci	اسم المجتمع Name of populations
1.326 ±0.3556	0.1970 ±0.1870	1.6790 ±0.4698	67.90	55	Al najaf النجف
1.3644±0.3762	0.2143±0.1964	1.6667 ±0.4743	66.67	54	AdDewaniyeh الديوانية
1.3380±0.3732	0.1987±0.1983	1.5926±0.4944	59.26	48	Khorasan خراسان
1.2690±0.3458	0.1620±0.1878	1.5432± 0.5012	54.32	44	Varamin فارمين
1.5367±0.2830	0.3252±0.1353	1.9383±0.2422	93.83	76	Marvadasht مارفداشت
1.5486 ±0.342	0.3195±0.1617	1.9383±0.2422	93.83	76	Kermanshah كرمنشاه
1.2298±0.3252	0.141±0.1781	1.4938±0.5031	49.38	40	Andijan أنديجان
1.3373±0.3754	0.1993±0.1931	1.6543±0.4786	65.43	53	Gallorol غالورول
1.4227±0.3210	0.2625±0.1586	1.8889±0.3162	88.89	72	Jizak جيزاك
1.5905±0.2984	0.3461±0.1385	1.9506±0.218	95.06	77	Somarkand سمرقند
1.5103±0.2739	0.3157±0.1258	1.9877±0.1111	98.77	80	Kazgurt كازغارت
1.5635 ±0.366	0.3205±0.1756	1.8642± 0.3447	86.42	70	Almaty المعطي
1.4622±0.3150	0.2848±0.150	1.9383±0.2422	93.83	76	Edrine ايدرين
1.5785±0.3041	0.3416±0.1327	1.9877±0.1111	98.77	80	Canakkale كاناكيل
1.3476±0.3253	0.2164±0.1767	1.7407±0.4410	74.07	60	Konya كونيا
1.5559±0.3342	0.3245±0.1571	1.9383±0.2422	93.83	76	Damascus دمشق
1.5361±0.3137	0.3199±0.1470	1.9506±0.2180	95.06	77	Azaz إعزاز
1.5161±0.3474	0.3029±0.1682	1.9136± 0.2827	91.36	74	TelHadya تل حديا
1.5309±0.3419	0.3128±0.1561	1.9753±0.1561	97.53	79	Kameshly القامشلي

جدول 3. البنية الوراثية للمجتمعات حسب تقانة التعدد الشكلي لطول قطع الـــDNA المضخمة (AFLPs): التنوع الوراثي الكلي (Ht)، التنوع الوراثي خلال المجتمعات بين البلدان (Hs)، معامل الاختلاف الوراثي (G_{st})، تقدير نسبة الهجرة بالجيل الواحد (Nm).

Table 4. Analysis of population genetic structure using AFLP marker analysis: Total gene diversity (H_t), Gene diversity within populations (H_s), Coefficient of gene differenation (G_{st}) and estimate of gene flow (*Nm*).

نسبة الهجرة بالجيل الواحد (Nm) Estimate of number of migrants per generation (Nm)	معامل الاختلاف الوراثي بين المجتمعات (G_{st}) Relative magnitude of gene differenation among populations (Gst)	التنوع الوراثي خلال المجتمعات (Hs) SD± Gene diversity Within populations (.Hs)	التنوع الوراثي الكلي (Ht) Nei 1987 SD± Total Genetic diversity (Ht)	نسبة المواقع المتباينة Percentage of polymorphic loci	عدد المواقع المتباينة No. of polymorphic loci	حجم المجتمع (n) Sample Size	عدد المجتمعات No. of populations	البلد أو المجموعة Country (Group)
5.0278	0.0905	0.2056±0.028	0.2261±0.0333	83.95	68	20	2	العراق Iraq
1.9031	0.2081	0.2513 ±0.0138	0.3174±0.0222	98.77	80	40	4	إيران Iran
1.3689	0.2675	0.2372 ± 0.0086	0.3239±0.0171	100.00	81	37	4	أوزبكستان Uzbekistan
3.5183	0.1244	0.3181± 0.0123	0.3633±0.0130	100.00	81	16	2	كازاخستان Kazakhstan
2.5084	0.1662	0.2809±0.0073	0.3369±0.0107	100.00	81	30	3	تركيا Turkey
3.3894	0.1286	0.315 ± 0.0058	0.3615±0.0077	100.00	81	40	4	سورية Syria
3.9034	0.1135	0.3263±0.005	0.3681± 0.0076	100.00	81	183	19	المجموع الكلي Overall

وجدت العديد من المجتمعات التي تنتمي لأكثر من دولة متقاربة من بعضها في المخطط العنقودي وذلك ليس بسبب آلية انتشار وديناميكية حشرة السونة فقط إنما يعزى ذلك أيضاً لعمليات الاستيراد والتصدير التي تحدث بين شعوب هذه المنطقة، حيث يمكن أن تنتقل الحشرة مع الحبوب المتباينة ومع القش والتبن ومع الأدوات الزراعية. فليس من الضروري أن تتجمع المدخلات المجموعة من مناطق جغرافية محددة في العنقود نفسه وهذا ما تم التأكيد عليه سابقاً عندما لم توجد علاقة ارتباط بين المسافة الوراثية والجغرافية.

Abstract

Ali, L., M. El Bouhssini, S. Udupa, M. Baum and M. Nayef Al-Salti. 2010. Genetic Variation Among Sunn Pest *Eurygaster integriceps* Put. Populations in Some Countries of West and Central Asia. Arab Journal of Plant Protection, 28: 1-8.

The objective of this study was to study genetic variation of Sunn pest populations collected from six countries (Iraq, Iran, Uzbekistan, Kazakhstan, Turkey and Syria). 19 populations of Sunn pest was stydied using AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms) technique. The Nei's measures of genetic distance ranged from 0.4275 (between Andijan from Uzbekistan and Varamin from Iran) to 0.029 (between Kermanshah and Marvdasht in Iran). There was no significant correlation between genetic distance and geographic distance (R=0.27). Genetic differentiation G_{st} was small in all countries and the highest genetic differentiation was in Uzbekistan (Gst=0.26). The rate of gene flow between countries was high (Nm= 3.9034), indicating high rate of migration between countries. Based on cluster analysis the highest genetic diversity was observed in Uzbekistan; this indicates that the center of origin of Sunn pest may be around this country.

Keywords: Genetic variation, Gene flow, *Eurygaster integriceps*, DNA, AFLP.

Corresponding author: Lina Ali, Aleppo University, Aleppo, Syria, Email: lina7755@hotmail.com

References

المراجع

1. **Abid, F**. 2003. NIFA, Pakistan Atomic Energy Commission, Peshawar, Pakistan. Unpublished data.
2. **Allen, C.T., W.L. Patton, E.L. Smith and R.E. Newman**. 2001. Texas boll weevil eradication update. Proceedings of Belt-wide Cotton Conference, 2: 934-937.
3. **Boeger, J.M., S.R. Chen and B.A. McDonald**. 1993. Gene flow between geographic populations of *Mycosphaerella graminicola* (Anamorph *Septoria tritici*) detected with Restriction fragment length polymorphism markers. Phytopathology, 83: 1148-1154.
4. **Bull, E.S., W.R. Briddon, S.W. Sserubombwe, K. Ngugi. G.P. Markham and J. Stanley**. 2006. Genetic diversity and phylogeography of cassava mosaic viruses in Kenya. Journal of General virology, 87: 3053-3065.
5. **Calderón, I.C., L.P. Dorn, S. Melgar, J.J. Chávez, A. Rodas, R. Rosales and C.M. Monroy**. 2004. A Preliminary Assessment of Genetic Differentiation of *Triatoma ordid te* (Hemiptera: Reduviidae) in Guatemala by Random Amplification of Polymorphic DNA-Polymerase Chain Reaction. Journal of Mediterranean Entomology, 41: 882-887.
6. **Clark, P.L., J. Molina-Ochoa, S. Martinelli, S.R. Skoda, J.D. Isenhour, J.D. Lee, J.D. Krumml, T. Jeffrey and J.E. Foster**. 2007. Population variation of the fall armyworm, *Spodoptera frugiperda,* in the Western Hemisphere. Journal of Insect Science, 7: 536-2442.
7. **Gujar, T.G., N.R. Khawale and V. Kalia**. 2007. Genetic variability of *Helicoverpa armigera* (Hübner) attributable to cadherin gene-specific molecular markers. Current Science, 92: 800-804.
8. **Hama, N.N., A.Z. Stephan, A.M. Ali and M.L. Aboud**. 2007. Sunn Pest status in Iraq. Pages 39-43. In: Sunn Pest management: A Decade of Progress 1994-2004. B.L. Parker, M. Skinner, M. El Bouhssini and S.G. Kumari (eds.). Published by the Arab Society for Plant Protection, Beirut, Lebanon, 433 pp.
9. **Kim, S.K. and T.W. Sappington**. 2004. Boll weevil (*Anthonomus grandis* Boheman) (Coleoptera: Curculionidae) Dispersal in the southern United States: Evidence from Mitochondrial DNA Variation. Molecular Ecology and Evolution, 33: 457-470.
10. **Lorenz, K. and P. Meredith**. 1988. Insect-damage wheat: History of the problem, effects on baking quality, remedies. Lebensmittel Wissenschaft and Technology, 21: 183-187.
11. **Lou, F.K., J.M. Weiss, L.P. Bruckner, L.W. Morrill, E.L. Talbert and J.M. Martin**. 1998. RAPD variation within and among Geographic populations of Wheat stem Sawfly (*Cephus cinctus* Norton). The American Genetic Association, 89: 329-335.
12. **Moya, A., Guirao, P., Cifuentes, D., Beitia§, F. and J. L. Cenis**. 2001. Genetic diversity of Iberian populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera:Aleyrodidae) based on random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction. Molecular Ecology, 10: 891-897.
13. **Mutebi, P.J., F. Tripet, B.J. Alexander and G.C. Lanzaro**. 2002. Genetic differentiation among populations of *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae) in Central and South America. Annals of the Entomological Society of America, 95: 740-752.
14. **Nei, M**. 1972. Genetic distance between populations. American Naturalist, 106: 283-292.
15. **Nei, M**. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States, 70: 3321-3323.
16. **Nei, M**. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Colombia University Press, New York, NY.
17. **Noireau, F., M. Zegarra, J. Ordoñez, T. Gutierrez and J.P. Dujardin**. 1999. Genetic Structure of *Triatoma ordid* (Hemiptera: Reduviidae) Domestic Populations from Bolivia: Application on Control Interventions. Mem Insectt Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, 94: 347-351.
18. **Parker, B.L., M. Skinner, M. Brownbridge and M. El Bouhssini**. 2000. Control of insect pests with entomopathogenic fungi. Arab Journal of Plant Protection, 18: 133-138.
19. **Peterson, M.A. and R.F. Denno**. 1997. The influence of intraspecific variation in dispersal strategies on the genetic structure of Planthopper population. Evolution, 51: 1189-1206.
20. **Peterson, M.A. and R.F. Denno**. 1998. Life-history strategies and the genetic structure of phytophagous insect populations. Pages 263–322. In: Genetic Structure and Local Adaptation in Natural Insect Populations. S. Mopper and S.Y. Strauss (eds.). Chapman & Hall, New York.
21. **Roderick, G.K**. 1996. Geographic structure of insect populations: gene flow, phylogeography, and their uses. Annual Review of Entomology, 41: 325-352.
22. **Roehrdanz, R.L., D.K. Reed and R.L. Burton**. 1993. Use of Polymerase Chain Reaction and Arbitrary primers to Distinguish Laboratory-Raised Colonies of Parasitic Hymenoptera. Biological Control, 3: 199-206.
23. **Sambrook, J., E.F. Fritsch and T. maniatis**. 1989. Molecular Cloning: a laboratory manual. 2nd ed. N.Y., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1659 pp.
24. **Scott, K.D., N. Lawrence, L.C. Lange, J.L. Scott, S.K. Wilkinson, A.M. Merritt, M. Miles, D. Murray and G.C. Graham**. 2005. Assessing moth migration and population structuring in *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae) at the regional scale: Example from the Darling Downs, Australia. Journal of Economic Entomology, 98: 2210–2219.

25. **Slatkin, M**. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural population. Science, 236: 787-792.
26. **Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal**.1973. Numerical taxonomy. Freeman, San Francisco. CA.
27. **Yang, S.L. and A.W. Meerow**. 1996. The *Cycas pectinata* (Cycadaceae) complex: genetic structure and gene flow. International Journal Plant Science, 157:468–483.
28. **Yeh, F.C. and T.J.B. Boyle**. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Belgian Journal Botany, 129: 157.
29. **Yeh, F.C. and T.J.B. Boyle**. 1999. Popgene version 1.31 Microsoft Window-based Freeware for population Genetic Analysis. Department of Renewable Resources, University of Alberta, Edmonton, Alberta, Canada T6G2H1. 29 pp.

Received: May 5, 2008; Accepted: September 6, 2009

تاريخ الاستلام: 2008/5/2؛ تاريخ الموافقة على النشر: 2009/9/6