



## المؤتمر القومي لمكافحة آفات النخيل في الوطن العربي

الإمارات العربية المتحدة

23-25 سبتمبر 2012

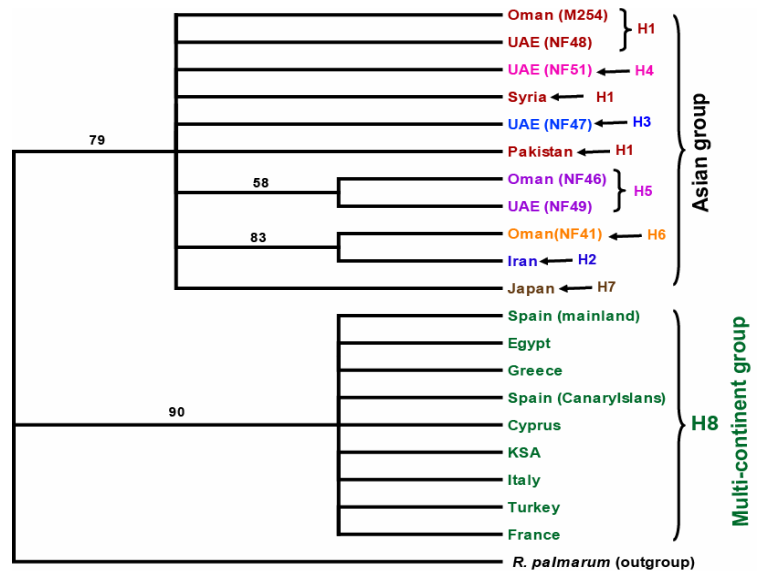
ورقة محورية

تطبيقات البيوتكنولوجيا الجزيئية علي سوسة النخيل الحمراء  
(التنوع الوراثي و العلاقات الفيلوجينية)

حصر للدراسات التي تتناول التنوع الوراثي لسوسة النخيل الحمراء و  
العلاقات الفيلوجينية بين بعضها البعض و بين أنواع أخرى من  
السوس التابعة لجنس الرينكوفورس  
مقدمتها

### د. رباب عبد الله عبد العزيز المرجاوي

بكالوريوس في العلوم الزراعية- أمراض نبات- كلية الزراعة - جامعة القاهرة- مصر  
ماجستير في العلوم الزراعية - الحشرات الاقتصادية (فيروسات الحشرات)- كلية الزراعة - جامعة القاهرة- مصر  
دكتوراة الفلسفة في الهندسة الوراثية والتكنولوجيا الحيوية في مجال البيولوجيا الجزيئية: حشرات جزينية و تطور جزيني- معهد بحوث الهندسة  
الوراثية و التكنولوجيا الحيوية - جامعة المنوفية - مصر



العلاقات الوراثية بين الطرز الأحادية لسوسة النخيل الحمراء

## المحتويات

- 3.....نبذة مختصرة
- 4.....مقدمة
- 6.....التنوع الوراثي علي المستوى الميتوكونديري و تاريخ الغزو لعدد من عشائر سوسة النخيل الحمراء من الشرق الأوسط و حوض البحر الأبيض المتوسط
- Mitochondrial genetic variation and invasion history of the Red Palm Weevil (RPW) *Rhynchophorus ferrugineus* (Coleoptera: Curculionidae) in Middle-East and Mediterranean basin
- 10.....التنوع الوراثي لسوسة النخيل الحمراء على المستوى النووي
- Genetic Variation of *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier) (Coleoptera: Curculionidae) Using ITS2-rDNA
- 10..... عزل الميكروستالايت
- Development of microsatellite markers for the red palm weevil (RPW) *Rhynchophorus ferrugineus*
- 11 .....التنوع الوراثي لسوسة النخيل الحمراء باستخدام تقنية التضاعف العشوائي (الرابد)
- Determination of *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier) (Coleoptera: Curculionidae) using RAPD-PCR
- 14.....المقارنة بين سوسة النخيل الحمراء و أربع أنواع أخرى تابعة لجنس الرينكوفورس
- Genetic Comparison among *Rhynchophorus ferrugineus* and Four *Rhynchophorus* Species
- 15.....الاتجاهات المستقبلية
- 16 .....المراجع

حصر للدراسات التي تتناول التنوع الوراثي لسوسة النخيل الحمراء و  
العلاقات الفيلوجينية بين بعضها البعض و بين أنواع أخرى من  
السوس التابعة لجنس الرينكوفورس

**Survey of Genetic variation, Phylogenetic analysis of Red Palm  
Weevil (RPW) *Rhynchophorus ferrugineus* (Coleoptera:  
Curculionidae) in Middle-East and Mediterranean Basin  
and  
Phylogenetic Relationships among *Rhynchophorus  
ferrugineus* and Other Four *Rhynchophorus* Species**

د. رباب عبد الله عبد العزيز المرجاوي

بكالوريوس في العلوم الزراعية- أمراض نبات- كلية الزراعة - جامعة القاهرة- مصر  
ماجستير في العلوم الزراعية - الحشرات الاقتصادية (فيرو لوجيا الحشرات)- كلية الزراعة - جامعة القاهرة- مصر  
دكتوراه الفلسفة في الهندسة الوراثية والتكنولوجيا الحيوية في مجال البيولوجيا الجزيئية: حشرات جزيئية و تطور جزيئي- معهد بحوث الهندسة  
الوراثية و التكنولوجيا الحيوية - جامعة المنوفية - مصر

### نبذة مختصرة

تعتبر سوسة النخيل الحمراء من الأنواع الغازية و التي يعتقد أن منطقة الأصل الجغرافي لها هي جنوب شرق آسيا. تم إدخال سوسة النخيل إلى مناطق الشرق الأوسط و حوض البحر الأبيض المتوسط خلال الثلاث عقود الأخيرة ، تهاجم السوسة العديد من أنواع النخيل في تلك المناطق مسببة أضراراً اقتصادية. نظراً للأهمية الاقتصادية لتلك الآفة فمن الأهمية معرفة تاريخ الغزو لها وكذا فهم العلاقات الوراثية بين عشائرها المختلفة من أجل استخدام المعلومات المتحصل عليها عند تصميم استراتيجيات مقاومة فعالة ضدها. تهدف تلك الورقة المحورية إلي حصر للدراسات التي تتناول التنوع الوراثي و تاريخ الغزو لسوسة النخيل الحمراء و كذا علاقة سوسة النخيل الحمراء بباقي أنواع جنس الرينكوفورس. تم حصر 10 أبحاث تناولت التنوع الوراثي وتاريخ الغزو الوراثي لعشائر جغرافية مختلفة من السوسة تم جمعها من بلاد مختلفة تابعة لمنطقتي الشرق الأوسط و حوض البحر الأبيض المتوسط. تم أيضاً عمل مقارنة وراثية بين سوسة النخيل وأربع أنواع أخرى تابعة لنفس الجنس رينكوفورس. في تلك الدراسات تم استخدام مشخصات جزيئية مختلفة مثل أجزاء من الجينات الميتوكونديرية، الدنا الريبوسومي و تقنية التضاعف العشوائي (الرابد) ، كما تم عزل للميكروستالايت.

### الكلمات المفتاحية

**Key words:** Curculionidae, Coleoptera, *Cytochrome oxidase c subunit 1* (CO1), *Cytochrome b* (Cytb), Genetic diversity, ITS2, invasive species, RAPD, molecular markers, microsatellites, Rhynchophorinae, Phylogeography, Phylogeny, Red palm weevil, *R. ferrugineus*, *R. bilineatus*, *R. palmarum*, *R. phoenicis*, *R. cruentatus*.

## مقدمة

يعتبر اكتشاف التنوع الوراثي للآفة الحشرية الغازية خطوة أساسية قبل التحقق من الأسس الوراثية لأفلمتها السريعة و بالتالي معرفة أسباب نجاح عملية الغزو (1-3). كما تعد معرفة وجود تنوع وراثي من عدمه مطلب هام قبل تطوير استراتيجيات مكافحة فعالة للآفة (4-7). تعتبر سوسة النخيل الحمراء

Red Palm Weevil (RPW) *Rhychophorus ferrugineus* (Olivier, 1790)

(Coleoptera: Curculionidae, Rhynchophorinae)(8).

من الأنواع الغازية و التي يعتقد أن منطقة الأصل الجغرافي لها هي منطقة جنوب شرق آسيا. تم غزو سوسة النخيل لمناطق الشرق الأوسط و حوض البحر الأبيض المتوسط منذ منتصف الثمانينيات حيث سجلت في الإمارات العربية المتحدة و استمر غزوها لباقي الدول تباعاً و حتي الآن ما زالت عملية الغزو مستمرة (9). تهاجم السوسة العديد من أنواع النخيل في تلك المناطق مسببة أضراراً اقتصادية، حيث قدر المعدل المتوسط للإصابة السنوية بسوسة النخيل الحمراء في منطقة الشرق الأوسط بحوالي 1.9 (10)، تسببت الإصابة بالسوسة في فقد 90% من النخيل المصاب في شبه الجزيرة العربية (11)، كما انخفض الإنتاج في بعض المناطق المصابة من 0.7-10 طن/هكتار (12). نظراً للأهمية الاقتصادية لتلك الآفة فمن الأهمية معرفة تاريخ الغزو لها وكذا فهم العلاقات الوراثية بين عشائرها المختلفة (9). تم حصر 9 أنواع من سوس النخيل التابع لجنس الرينكوفورس (8):

4 أنواع من العالم الجديد:

*R. palmarum* (Linnaeus), *R. cruentatus* (Fabricius), *R. ritcheri*

(Wattanapongsiri) and *R. quadrangulus* (Queden);

نوع أفريقي:

*R. phoenicis* (Fabricius)

4 أنواع آسيوية:

*R. ferrugineus* (Olivier), *R. bilineatus* (Montrouzier), *R. distinctus*

(Wattanapongsiri), and *R. lobatus* (Ritsema)

تهدف تلك الورقة المحورية إلي حصر للدراسات التي تتناول التنوع الوراثي و تاريخ الغزو لسوسة النخيل الحمراء و كذا علاقة سوسة النخيل الحمراء بباقي أنواع جنس الرينكوفورس. تم استخدام مشخصات جزيئية مختلفة لدراسة التنوع الوراثي لسوسة النخيل الحمراء مثل أجزاء من الجينات الميتوكوندرية، الدنا الريبوسومي و تقنية التضاعف العشوائي (الرابد) (13-21)، كما تم عزل للميكروستالايت (22). تتميز الجينات الميتوكوندرية بان وراثتها أموية، ذات معدل تطور سريع، ذات طبيعة فردية و لها بادئات عامة ممكن استخدامها في حالة عدم معرفة التتابعات، استخدمت بنجاح في دراسات علي أنواع حشرية عديدة لدراسة التنوع الوراثي، الدراسات الفيلوجينية، التوزيع الجغرافي و الباركود (23-33). استخدمت أجزاء مختلفة من الدنا الريبوسومي لدراسة التنوع الوراثي في أنواع مختلفة من الحشرات (34-37).

#### The non-functional Internal Transcribed Spacer 2 Ribosomal DNA (ITS2-rDNA)

اعتبرت كوسيلة جزيئية فعالة لدراسة العلاقات الوراثية بين العشائر الجغرافية المختلفة للحشرات بسبب معدل تطورها العالي (38-41). تعتبر تقنية الرابد مفيدة حيث تتطلب كمية صغيرة جدا من الدنا، سريعة و لا تتطلب امكانيات كثيرة مما يجعلها مناسبة للتعريف الوراثي في الدول النامية (42-44). أصبح الميكروستالايت مشخص جزيئي مهم لدراسة التنوع الوراثي في الحشرات حيث انه عالي التنوع مقارنة بمشخصات أخرى ويتبع الوراثة المندلية مشتركة السيادة (45).

التنوع الوراثي علي المستوي الميتوكونديري و تاريخ الغزو لعدد من عشائر  
سوسة النخيل الحمراء من الشرق الأوسط و حوض البحر الأبيض المتوسط  
**Mitochondrial Genetic Variation and invasion History of Red  
Palm Weevil (RPW) *Rhynchophorus ferrugineus* (Coleoptera:  
Curculionidae) in Middle-East and Mediterranean Basin**

تم دراسة التنوع الوراثي علي المستوي الميتوكونديري و تاريخ الغزو لعدد من عشائر  
سوسة النخيل الحمراء، جمعت من 52 موقع تتبع 14 دولة تم غزوها بالسوسة في منطقتي  
الشرق الأوسط و حوض البحر الأبيض المتوسط : مصر (26 موقع تتبع 17 محافظة)،  
السعودية، عمان، الإمارات العربية المتحدة، سوريا، تركيا، قبرص، فرنسا، اليونان، إيطاليا،  
أسبانيا (الأرض الرئيسية و جزر الكناري)، إيران، اليابان و باكستان (شكل 1، 2 & 3)  
(20,19).

تم في هذه الدراسة استخدام مشخصات جزيئية تعتمد علي تحديد التتابعات النيوكليوتيدية  
للحامض النووي منقوص الأكسجين (الدنا) و تتبع الجينوم الميتوكونديري. تلك المشخصات  
الجزيئية عبارة عن أجزاء من الجينين الميتوكونديريين سيتوكروم أكسيداز تحت الوحدة 1  
(كو1) و سيتوكروم ب (سيت ب). يستثنى كلا من سوريا و اليابان في حالة سيتوكروم ب  
(سيت ب).

أظهرت التتابعات النيوكليوتيدية لكلا الجينين وجود تنوع وراثي نتيجة لعمليات استبدال  
نيوكليوتيدية في كلا الجينين. يلخص جدول (1 & 2) أهم النتائج المتحصل عليها.

**الانتشار الجغرافي للطرز الأحادية و علاقتها بعدد و طبيعة الادخالات**

كشفت المقارنة بين التتابعات المختلفة عن وجود 8 طرز أحادية في حالة الكو1 سميت ط1-  
ط8 بينما تم الكشف عن 3 طرز أحادية في حالة السيت ب سميت ط1- ط3. في حالة  
الكو1 تجمعت الطرز الأحادية ط1- ط7 في مجموعة واحدة بينما ظل ط8 منفصلا و ذلك  
في الشبكة الجغرافية للطرز الأحادية (شكل 4). يعكس العدد القليل للطرز الأحادية انخفاض  
التنوع الوراثي كما هو متوقع بالنسبة لأنواع الغازية (46).

لم يلاحظ تنوع وراثي بين العينات التابعة لنفس الدولة إلا في حالة العينات المجموعة من  
دولة الإمارات العربية المتحدة (تم اكتشاف 4 طرز أحادية هي: ط1، ط3، ط4 و ط5) و  
عمان (تم اكتشاف 3 طرز أحادية هي: ط1، ط5 و ط6) و ذلك في حالة الكو1. يمكن تفسير

وجود عدة طرز أحادية في عينات نفس الدولة إلي حدوث العديد من الادخالات للآفة من مناطق مختلفة تحوي طرز أحادية مختلفة أو إدخال واحد أو أكثر من منطقة واحدة تحوي طرز أحادية مختلفة (20).

تقتصر العشائر المحلية لمصر (26 موقع تتبع 17 محافظة) علي طرز أحادي وحيد (ط8 في حالة الكو1 أو طب1 في حالة السيت ب) مما يفسر بادخال واحد أو أكثر من منطقة واحدة تحوي نفس الطرز الأحادي. فسر الانتشار السريع للطرز الأحادي في محافظات مصر المختلفة إلي سلسلة من أحداث الغزو الثانوية (شكل3). أعطي نفس التفسير للبلاد الأخرى التي لم يكتشف فيها غير طرز أحادي وحيد (شكل1,2,3 و جدول1 & 2).  
لوحظ أن الطرز الأحادي ط8 في حالة الكو1 أو طب1 في حالة السيت ب هو الأكثر انتشارا من الناحية الجغرافية حيث وجد في 8 دول مما يدل علي قدرته العالية علي الغزو و لذا أطلق عليه الطرز الغازي (19,20).

#### العلاقات الفيلوجينية بين الطرز الأحادية وبعضها البعض

أوضحت العلاقات الفيلوجينية (شكل5 & 6 و جدول1 & 2) أن العشائر التي تم دراستها تنتمي لمجموعتين جغرافيتين (تشعبتا من سلف مشترك) لم يتم الكشف عنه في هذه الدراسة) هما: المجموعة الآسيوية و المجموعة متعددة القارات. المجموعة الآسيوية و تضم عديد من الطرز الأحادية (ط1- ط7 في حالة الكو1 و طب2 & طب3 في حالة السيت ب) وتشمل عينات من 6 بلاد تتبع قارة آسيا (إيران، اليابان، عمان، باكستان، سوريا والإمارات العربية المتحدة) بينما المجموعة متعددة القارات تضم طرز أحادي وحيد هو الطرز الغازي و تشمل عينات من 8 بلاد تتبع 3 قارات هم: أفريقيا (مصر)، آسيا (السعودية وتركيا) وأوروبا (قبرص، فرنسا، اليونان، إيطاليا وأسبانيا) (شكل5&6) (19,20).  
يتضح من الشكل الفيلوجيني أن: (1) الطرز الغازي ذو علاقة أخوية مع السلف المشترك ب للطرز الأحادية للمجموعة الآسيوية (لم يتم الكشف عنه في هذه الدراسة) حيث أنهما تفرعا من أصل مشترك واحد (لم يتم الكشف عنه في هذه الدراسة)، (2) الطرز الأحادي ط7 الياباني (في حالة الكو1) منفصل عن باقي طرز المجموعة الآسيوية حيث أنه يرتبط مع السلف المشترك ج للطرز الأحادية ط1، ط3، ط4، ط5، ط2 & ط6 بعلاقة أخوية، (3) (شكل5) (20).

أي أن المجموعة الآسيوية تنقسم لتحت مجموعتين: تحت مجموعة تضم ط7 الياباني وتحت مجموعة تضم باقي الطرز، تنقسم الأخيرة بدورها لتحت مجموعتين ثانويتين: (1) تحت مجموعة ثانوية تضم الطرز الأحادية ط1، ط3، ط4 & ط5، (طب 3 في حالة سبت ب) (2) تحت مجموعة ثانوية تضم الطرز الأحادية ط2 الإيراني & ط6، (طب 2 في حالة سبت ب) (شكل 5,6) (20,19).

بينت القيم العليا و الدنيا للمسافات الوراثية بين الطرز الأحادية المختلفة أن الطرز ط7 الياباني هو الأبعد وراثيا عن الطرز الغازي بينما الطرز ط1 هو الأقرب وراثيا. كما أن داخل المجموعة الآسيوية يعتبر الطرز ط1 الموجود في أكثر من دولة هو الأبعد وراثيا عن الطرز ط7 الياباني. ط1 (طب 3) و ط3، ط4 & ط5 الأكثر قربا لبعضهم وراثيا داخل المجموعة الآسيوية (20,19).

اتضح من زمن تشعب التتابعات النيوكليوتيدية بين الطرز أن الطرز الغازي انفصل عن طرز المجموعة الآسيوية من حوالي 0.26 الي 1.4 مليون سنة عن الطرز الإيراني و الياباني علي التتابع، كما انفصل عن الطرز الثاني من حيث الانتشار (ط1 في حالة الكو1 أو طب3 في حالة السيت ب) من حوالي 1.09 مليون سنة. أما في داخل المجموعة الآسيوية فقد انفصل الطرز الياباني عن باقي الطرز من حوالي 0.83 إلي 1.9 مليون سنة عن الطرز الثاني من حيث الانتشار (ط1 في حالة الكو1 أو طب3 في حالة السيت ب) و ط6 علي التتابع، كما انفصل عن الطرز الإيراني من حوالي 1 مليون سنة (20,19).

### التفسير التطوري و الديموجرافي لتوزيع التنوع الوراثي الحالي

أوضحت قيم التمايز الوراثية، تدفق المورثات و اختبارات تاجيما للحيادية (جدول 1&2) أن عشائر سوسة النخيل الحمراء التي تم دراستها تشعبت وراثيا تحت تأثير الجرف الوراثي خلال العديد من الأحداث التأسيسية (20,19).

### تناقضات

هناك أربعة تناقضات نتجت عن هذه الدراسة:

- (1) لم يظهر في السعودية أي من الطرز المكتشفة في الدول المجاورة بل اكتشف بها الطرز الغازي.
- (2) لم يظهر في سوريا الطرز الغازي رغم أنها واقعة علي حوض البحر الأبيض المتوسط.



- (3) بالرغم من أنه لا يوجد حدود فاصلة بين باكستان و الهند (الأصل الجغرافي المحتمل) إلا أن العينات المجموعة من باكستان لم تظهر تنوع وراثي حيث اكتشف طرز أحادي واحد.
- (4) بالرغم من أنه كان يعتقد أن مصدر سوسة النخيل في مصر هو دولة الامارات الا أنه لم يكتشف في مصر أي من الطرز الأحادية المكتشفة في الامارات.

### الخلاصة

يقترح من المسافات الوراثية و زمن تشعب التتابعات النيوكليوتيدية بين الطرز الأحادي الغازي التابع للمجموعة متعددة القارات و باقي الطرز الأحادية التابعة للمجموعة الآسيوية، أن سوسة النخيل الحمراء سلكت 3 طرق مختلفة أثناء غزوها من منطقة الأصل إلى الدول التي تم غزوها: طريق للشرق حيث الطرز الأحادي ط7 المكتشف في اليابان، طريقان للغرب أحدهما لمنطقة البحر الأبيض المتوسط حيث تم اكتشاف الطرز الأحادي الغازي و الآخر لمنطقة الشرق الأوسط حيث تم اكتشاف 6 طرز أحادية (2 طرز أحادي في حالة سبت ب)، بدوره الطريق الأخير تفرع لطريقين أحدهما حيث ط2 أو ط2 الإيراني و الآخر لباقي الطرز. ترتبط تلك الطرق بأنسال وراثية لكل منهم تاريخ تطوري منفصل.

أوضحت المسافات الوراثية و زمن تشعب التتابعات النيوكليوتيدية بين الطرز الأحادية المختلفة و من الفترة الزمنية التي تم بها الغزو أن الطرز تطورت في منطقة الأصل قبل غزوها للبلاد المختلفة. يمكن ترتيب الطرز الأحادية من حيث قربها الوراثي من الطرز الأحادي الغازي بحسب المسافات الوراثية و زمن تشعب التتابعات النيوكليوتيدية كالاتي:

ط8.....(ط3&ط5).....ط1.....(ط2،ط4&ط6).....ط7. كما يمكن ترتيب الطرز الأحادية داخل المجموعة الآسيوية من حيث قربها الوراثي من الطرز الياباني كالاتي: ط7....ط1.....(ط3، ط4&ط5).....ط2.....ط6.

## التنوع الوراثي لسوسة النخيل الحمراء على المستوى النووي

### Genetic Variation of *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier) (Coleoptera: Curculionidae) Using ITS2-rDNA

تم في هذه الدراسة استخدام مشخصات جزيئية تعتمد علي تحديد التتابعات النيوكليوتيدية للحامض النووي منقوص الأكسجين (الدنا) و تتبع الجينوم النووي. تلك المشخصات الجزيئية عبارة عن أجزاء من الحامض النووي منقوص الأكسجين الريبوسومي الغير وظيفي . ITS2-rDNA(19).

لم يكشف استخدام المشخصات النووية عن وجود تنوع وراثي(19). يرجع ذلك لعملية تطور توافقية قوية، تم ملاحظة و تقرير ذلك في دراسات سابقة للحامض النووي منقوص الأكسجين (الدنا) الريبوسومي (47,48).

## عزل بادئات الميكروستالايت من سوسة النخيل الحمراء

### Development of microsatellite markers for the red palm weevil (RPW) *Rhynchophorus ferrugineus*

تم عزل 15 ميكروستالايت من الحامض النووي لسوسة النخيل الحمراء (22). هناك تجارب للكشف عن التنوع الوراثي باستخدام تلك البادئات.

التنوع الوراثي لسوسة النخيل الحمراء باستخدام تقنية التضاعف العشوائي  
(الرابد)

**Determination of *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier)  
(Coleoptera: Curculionidae) using RAPD-PCR**

- نجحت تقنية التضاعف العشوائي (الرابد) في الكشف عن التنوع الوراثي بين أفراد سوسة النخيل الحمراء سواء من منطقة واحدة أو بين عدة مناطق وكذا الكشف عن التنوع الوراثي بين الأشكال المورفولوجية المختلفة. وكذا نجح في الكشف عن علاقات القرابة أو الاختلافات الوراثية بين أشكال الصدر الأولي المختلفة.

- تم استخدام تفاعل البلمرة المتسلسل ببادئات عشوائية لمضاعفة أماكن عشوائية من الجينوم بحسب وجود تتابعات البادئات المستخدمة (13,14,16,17,18).

- تم استخدام تقنية التضاعف العشوائي في بحثين لدراسة تنوع الشكل المورفولوجي لمنطقة الصدر الأول من حيث اللون أو غياب و وجود النقط السوداء عليه و ترتيبها ان وجدت (14,17). تناول أحد الباحثين العلاقة بين 3 أشكال مورفولوجية ل 3 عينات من مصر تختلف تبعا لغياب أو وجود النقاط السوداء علي الصدر الأولي: الشكل الأول خالي من النقاط السوداء، بينما وجدت النقاط السوداء في الشكلان الثاني و الثالث، تتجمع النقاط كشبكة في الشكل الثاني بينما تترتب في صفين متوازيين في الشكل الثالث حيث تنقسم النقطة الوسطي للصف الثاني لنصفين. وجد أن الشكل الأول أقل قرابة وراثية من الشكلين الآخرين بينما الشكلين الثاني و الثالث أكثر تقاربا لبعضهم البعض (14).

في البحث الثاني تمت المقارنة بين 3 أشكال مورفولوجية من 18 عينة من السعودية تختلف تبعا للون وغياب أو وجود النقاط السوداء علي الصدر الأولي (17): الشكل الأول الصدر الأولي أسود بلا نقاط، الشكل الثاني بني بلا نقاط و الشكل الثالث بني بنقاط.

تجمعت العينات في مجموعتين رئيسيتين 1 و 2 بلغت نسبة التقارب بينهم 35%

المجموعة الأولي 1 تنقسم بدورها لتحت مجموعتين (3 و 4):

(3) تحوي عينات من الشكل الثالث، (4) تحوي عينات من الشكل الثاني و الثالث.

المجموعة الثانية 2 تنقسم بدورها لتحت مجموعتين (5 و 6):

(5) تحوي عينات الشكلين الثاني و الثالث في تحت مجموعتين ثانويتين ((7 و 8)) نسبة التقارب بينهم %99: ((7)) تحوي عينة من الشكل الثالث بينما ((8)) تحوي عينات من الشكل الثاني.

(6) تحوي عينات الشكل الأول في تحت مجموعتين ثانويتين ((9 و 10)) بنسبة تقارب 50% (شكل7) (17).

تم استخدام تقنية التضاعف العشوائي في 3 أبحاث لدراسة التقارب الوراثي بين عينات من سوسة النخيل الحمراء مجموعة من بلد واحد (13,16) أو بين عينات مجموعة من أكثر من بلد (18). تناول البحث الأول العلاقة بين 3 أفراد من سوسة النخيل الحمراء من مصر ، السعودية و اندونيسيا (13). وجد 70% تشابه وراثي بين عينة من سوسة النخيل الحمراء من السعودية و اندونيسيا حيث بلغت المسافة الوراثية بينهما 0.7 بينما لم يلاحظ أي تشابه وراثي بين عينات من مصر و أي من عينات السعودية و اندونيسيا، و ذلك باستخدام 20 بادئ عشوائي (13).

تناول البحث الثاني العلاقة بين 7 عينات من سوسة النخيل الحمراء من أماكن مختلفة لنفس البلد و هي الإمارات العربية المتحدة (شكل8) (16)، في هذا البحث تم الكشف عن وجود تنوع وراثي بين العينات المختلفة. كانت نسبة التنوع 51.4%، تراوحت المسافة الوراثية بين العينات من 0.058-0.617 (38-94% تشابه) و لوحظ عدم وجود علاقة بين المسافات الجغرافية و المسافات الوراثية، كما استنتج ان العينات تنتمي لنفس الجنس لكن ليس نفس النوع (16).

في الدراسة الثالثة تم الكشف عن وجود تنوع وراثي داخلي و خارجي بين 61 عينة من سوسة النخيل الحمراء من 13 دولة: مصر (15 محافظة)، السعودية، الإمارات، عمان، تركيا، باكستان، ايران، اليابان، أسبانيا، ايطاليا، اليونان، قبرص و فرنسا (18). أنتج تفاعل البلمرة المتسلسل بندات تتراوح من 200 إلى 1400 قاعدة مزدوجة و كانت نسبة التنوع 100% حيث ان كل نواتج تفاعل تضاعف البلمرة المتسلسل (776 ناتج) كانت متنوعة. تم الكشف عن تلك النسبة في دراسات علي أنواع حشرية أخرى (49). تعكس تلك النسبة غياب التشابه بين العينات المدروسة (49). تم الكشف عن وجود 17 مشخص استثنائي، من الممكن استخدامهم علي المستوي التطبيقي للفرقة بين العشائر الجغرافية المختلفة (44,50). تراوح متوسط المسافات الوراثية بين العشائر من 0.3-0.8 (20-70% تشابه).

تراوحت المسافات الوراثية بين الأفراد من 0.421-1 . أوضحت المقارنة وجود علاقة طردية بين المسافات الوراثية و الجغرافية.  
قسمت الدراسة الفيلوجينية لنواتج التقنية الأفراد المختبرة إلى 3 مجموعات كبيرة (12 تحت مجموعة) (شكل 9) كالآتي:

- (1) أفراد من سوسة النخيل الحمراء من اليابان (تحت مجموعة 12) (شكل 9).
  - (2) أفراد من سوسة النخيل الحمراء من المنطقة العربية (الإمارات، السعودية و عمان) (تحت مجموعة: 11) و إيران و باكستان (تحت مجموعة: 10) (شكل 9).
  - (3) أفراد من سوسة النخيل الحمراء من مصر ( 6 تحت مجموعة: 1,2,3,4,5,9) و الدول الأوروبية التابعة لمنطقة البحر الأبيض المتوسط (تحت مجموعة: 6,7,8) (شكل 9).
- مما سبق يمكن أن نستنتج أن مصدر سوسة النخيل الحمراء التي تم دراستها يرجع الي منطقتين جغرافيتين مختلفتين أحدهما هي مصدر سوسة النخيل الحمراء من مصر و الدول الأوروبية التابعة لمنطقة البحر الأبيض المتوسط و الأخرى هي مصدر سوسة النخيل الحمراء من المنطقة العربية (الإمارات، السعودية و عمان).
- لا ترتبط كل الأفراد في تحت المجموعات المصرية بالبعد الجغرافي في تجمعها، حيث وجد أن بعض الأفراد التي تتبع محافظات بعيدة جغرافيا تتجمع معا في تحت مجموعة واحدة كما يلي:

- (1) أفراد من محافظات الشرقية، بني سويف و أسوان (تحت مجموعة 2) (شكل 9).
  - (2) أفراد من محافظات الشرقية، القليوبية و الوادي الجديد (تحت مجموعة 3) (شكل 9).
  - (3) أفراد من الإسكندرية و الفيوم (تحت مجموعة 4) (شكل 9).
- يتوقع ان العشائر المشتقة من أصول مختلفة تكون أكثر تنوعا (51) العينات المصرية أظهرت تنوعا حيث جمعت في 6 مجموعات ممكن تكون من دول مختلفة أو ادخال وحيد يحوي العديد من الأشكال الوراثية.

## المقارنة بين سوسة النخيل الحمراء و أنواع أخرى تابعة لجنس الرنكوفورس Genetic Comparison among *Rhynchophorus ferrugineus* and other *Rhynchophorus* Species

في البحث الأول تمت المقارنة باستخدام تقنية التضاعف العشوائي بين:

*R. ferrugineus* (Egypt, KSA & Indonesia), *R. cruentatus* (Florida-USA) and *R. palmarum* (Costa Rica).

و لقد وجد تنوع وراثي بينهم (13).

في البحث الثاني: تمت المقارنة بين :

*R. ferrugineus* and *R. vulneratus*

تم التأكيد علي أن النوع فولنوريتس هو نفسه سوسة النخيل الحمراء و لكنه تنوع لوني و ذلك باستخدام تقنية التضاعف العشوائي و أجزاء من الجين الميتوكونديري سيتوكروم أكسيداز تحت الوحدة 1 (كو) (15).

في البحث الثالث تم المقارنة الوراثية بين الطرز الأحادية لسوسة النخيل الحمراء (سميت هنا ط1\*ط8\* للفرقة) و 4 أنواع أخرى تابعة لنفس الجنس باستخدام أجزاء من الجين الميتوكونديري سيتوكروم أكسيداز تحت الوحدة 1 (كو) (21):

*R. palmarum* (Linnaeus), *R. cruentatus* (Fabricius), *R. phoenicis*

(Fabricius) and *R. bilineatus* (Montrouzier).

كشفت النتائج عن وجود تنوع وراثي ناتج من عملية استبدالات نيوكليوتيدية بنسبة 30.2% . تراوحت المسافات الوراثية بين الأنواع و بعضها بين 0.058 (بين سوسة النخيل الحمراء و النوع بيلينيئاتس) و 0.081 (بين سوسة النخيل الحمراء و النوع بلمارم) (21).

أوضح عدد المواقع المتغيرة، المسافات الوراثية و العلاقات الفيلوجينية بين الأنواع المختلفة أن نوع سوسة النخيل الحمراء أكثر قربا من النوع بلنيئاتس، و ان النوع بلمارم هو الأبعد وراثيا. أيضا كان الطرز الأحادي ط8\* و المسمي الطرز الغازي لسوسة النخيل الحمراء هو الأكثر قربا من الناحية الوراثية لباقي الأنواع بينما الطرز الأحادي ط1\* هو الأكثر بعدا. يمكن ترتيب الطرز الأحادية لسوسة النخيل الحمراء بحسب قربها وراثي من الأنواع المختلفة كالآتي:

سوسة النخيل الحمراء(ط1.....ط2.....ط3.....ط4.....ط6.....ط8).....  
بلنياتس.....فوينيسيس.....كورينيتيس.....بلمارم (21).  
تعتبر تلك المقارنة كخطوة أولى لمراجعات الحالة التقسيمية لجنس الرينكوفورس إلى  
المستوى الوراثي (21) (شكل 10).

## الاتجاهات المستقبلية

في حوار مع د. جان فرانسوا سيلفان مدير أحد الوحدات البحثية بمعهد البحوث للتنمية-فرنسا والذي لديه خبرة عن التنوع الوراثي للأنواع الحشرية الغازية (ايميل أغسطس 2012):

رد د. سيلفان علي سؤالي عما هو متوقع بالنسبة لمستقبل الأبحاث المتعلقة بوراثة سوسة النخيل كالآتي:

ينتظر الباحثين معرفة نتائج استخدام الميكروستالايت و هل يمكنه التفرقة بين عشائر منطقة البحر المتوسط أم لا يتطلع د. سيلفان بشغف للحصول علي عينات من سوسة النخيل الحمراء من منطقة الهند و جنوب شرق آسيا كمناطق أصل محتملة لمعرفة مصدر سوسة النخيل التي غزت مصر و منطقة حوض البحر الأبيض المتوسط أو الطرز الأحادي الغازي، و معرفة من أي عائل نخيلي أنت. يأمل د. سيلفان أيضا في معرفة حجم الفقد في التنوع الوراثي الناتج عن عملية الانتقال من منطقة الأصل للأماكن الجديدة، حيث يعتقد انه في حالة اذا كان هذا الفقد كبير فان هذا سيؤثر علي مستقبل بقاء السوسة، لكنه يري ان كثيرين غير متفقين معه في هذا الرأي.

أشار د. سيلفان إلي انه حاليا هناك دراسات في أوروبا (ايطاليا) لمحاولة عزل و استخدام الميكروستالايت، أيضا هناك أبحاث تجري في كاليفورنيا و لكنه لا يعلم تفاصيلها. يري د. سيلفان انه من الصعب إقناع العاملين في مكافحة السوسة بأهمية الأبحاث الأساسية ومنها الوراثة لتحسين عمليات المكافحة. وضح د. سيلفان أهمية دراسات التنوع الوراثي علي المستوي التطبيقي بأنه في حالة الرغبة مثلا في استخدام ممرض حشري كالفطر فانه سيتم استخدام سلالة واحدة للفطر للمكافحة إن لم يكن هناك تنوع وراثي والعكس صحيح.



## المراجع

- (1) Sakai, A.K., Allendorf, F.W., Holt, J.S., Lodge, D.M., Molofsky, J., With, K.A., Baughman, S., Cabin, R.J., Cohen, J.E., Ellstrand, N.C., McCauley, D.E., O'Neil, P., Parker, I.M., Thompson, J.N. and Weller, S.J. (2001). The population biology of invasive species. *Annual Review of Ecology and Systematic*, 32: 305-332.
- (2) Keane, R.M. and Crawley, M.J. (2002). Exotic plant invasions and the enemy release hypothesis. *Trends in Ecology & Evolution*, 17: 164–169.
- (3) Wolfe, L.M., (2002). Why alien invaders succeed: support for the escape-from-enemy hypothesis. *American Nat.*, 160: 705–711
- (4) Grapputo, A., Boman, S., Lindstrom, L., Lyytinen, A. and Mappes, J. (2005). The voyage of an invasive species across continents: genetic diversity of North American and European Colorado potato beetle populations. *Molecular Ecology*, 14: 4207-4219.
- (5) Monnerat, R., E. Martins, P. Queiroz, S. Ordúz, G. Jaramillo, G. Benintende, J. Cozzi, M.D. Real, A. Martinez-Ramirez, C. Rausell, J. Cerón, J.E. Ibarra, M.C. Delrincon-Castro, A.M. Espinoza, L. Meza-Basso, L. Cabrera, J. Sánchez, M. Soberon and A. Bravo, (2006). Genetic variability of *Spodoptera frugiperda* Smith (Lepidoptera: Noctuidae) populations from Latin America is associated with variations in susceptibility to *Bacillus thuringiensis* Cry toxins. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72: 7029–7035.
- (6) Marimuthu, M., Perumal, Y., Salim, A.P. and Sharma, G. (2009). Genetic similarity of eggplant shoot and fruit borer, *Leucinodes orbonalis*, populations. *DNA Cell Biology*, 28(12): 599-603.
- (7) Sharma, A.K., Mendkia, M.J., Tikara, S.N., Chandela, K., Sukumarana, D., Parashara, B.D., Veera, V., Agarwalb, O.P. and Prakasha, S. (2009). Genetic variability in geographical populations of *Culex quinquefasciatus* Say (Diptera: Culicidae) from India based on random amplified polymorphic DNA analysis. *Acta Tropica*, 112(1): 71-76.
- (8) Wattanapongsiri, A. (1966). A Revision of the genera *Rhynchophorus* and *Dynamis* (Coleoptera: Curculionidae). *Department of Agriculture Science Bulletin*, 1: 1-328.
- (9) El-Mergawy A.A.M. R. and Al Ajlan M. A. (2011). Red palm weevil, *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier): Economic importance, biology, biogeography and integrated pest management. *Journal of Agricultural Science and Technology*. A1(1): 1-23. (Accepted 13/09/2010).
- (10) Zaid A. 1999. Date palm cultivation. Food and Agriculture Organization of the United Nation. pp 242 – 246
- (11) Moore M. (2000). Control of red palm weevil, *Rhynchophorus ferrugineus*: Requirements for the development of amycoinsecticide. First workshop on control of date palm red weevil, King Faisal University, Al-Hassa, Saudi Arabia. pp 1 – 25.
- (12) Gush H. (1997). Date with disaster. *The Gulf Today*. p 16.

- (13) Abulyazid, I., Kamel, I.K.E., Sharawi, F.A. and El-Bermawi, S. (2002). Comparison between different populations of red palm weevil, *Rhynchophorus* species using RAPD-PCR. *Journal of Egyptian Germany Society Zoology*, 38E: 1-15.
- (14) Salama, H.S. and Saker, M.M. (2002). DNA fingerprints of three different forms of the red palm weevil collected from Egyptian date palm orchards. *Archive of Phytopathology Pflanz*, 35: 299-306.
- (15) Hallett, R.H., Crespip, B.J. and Borden, J.H. (2004). Synonymy of *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier) 1790 and *R. vulneratus* (Panzer) 1798 (Coleoptera, Curculionidae, Rhynchophorinae). *Journal of Naural History*, 38: 2863-2882.
- (16) Gadelhak, G.G. and Enan, M.R. (2005). Genetic diversity among populations of red palm weevil, *Rhynchophorus ferrugineus* Olivier (Coleoptera: Curculionidae), determined by random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction (RAPD-PCR). *Journal of Agriculture and Biology*, 7(3): 395-399.
- (17) Al-Ayied, H.Y., Alswailem, A.M., Shair, O. and Al Jabr, A.M. (2006). Evaluation of phylogenetic relationship between three phenotypically different forms of red date palm weevil *Rhynchophorus ferrugineus* using PCR-based RAPD technique. *Archives of Phytopathology and PlantProtection*, 39(4): 303-309.
- (18) El-Mergawy A.A.M. R., Al Ajlan M. A., Abdalla N., Nasr I. M. and Silvain J.-F. (2010) (Determination of different geographical populations of *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier) (Coleoptera: Curculionidae) using random amplified polymorphic DNA-PCR (RAPD-PCR). *International Journal of Agriculture and Biology* 13(2): 227-232.  
[http://www.fspublishers.org/ijab/past-issues/IJABVOL\\_13\\_NO\\_2/13.pdf](http://www.fspublishers.org/ijab/past-issues/IJABVOL_13_NO_2/13.pdf)
- (19) El-Mergawy A.A.M. R., Al Ajlan M. A., Abdalla N., Vassiliou V., Kontodimas C. D., Silvain J.-F. and Nasr I. M. (2011). Preliminary Study on a geographical variation of cytochrome b gene and ITS2-rDNA among populations of *Rhynchophorus ferrugineus*. *Journal of Agricultural Science and Technology*. B1(2): 189-197. (Accepted 02/09/2010).
- (20) El-Mergawy A.A.M. R., Faure, N. Nasr I. M., Faghieh A. A., Rochat D. and Silvain J.- F. (2011). Mitochondrial genetic variation and invasion history of the red palm weevil *Rhynchophorus ferrugineus* (Coleoptera: Curculionidae) in Middle-East and Mediterranean basin. *International Journal of Agriculture and Biology*. 13: 631–637. (Accepted 17/12/2010).
- (21) El-Mergawy A.A.M. R., Al Ajlan, M. Abdalla N., A., Nasr I. M. and Silvain J.-F. (2011). Genetic comparison among *Rhynchophorus ferrugineus* and four *Rhynchophorus* species. *Journal of Agricultural Science and Technology*. B1(4): 610-615. (Accepted 08/10/2010).
- (22) Capdevielle-Dulac, C., El-Mergawy A.A.M. R., Faghieh A. A., Rochat D. and Silvain J.-F. (2012). Development of microsatellite markers for the red palm weevil (RPW) *Rhynchophorus ferrugineus* (Coleoptera: Curculionidae). *Molecular Ecology Resources*. 12: 185-189. (Accepted August, 2011).

- (23) Avise, J.C., J. Arnold, R.M. Ball, E. Bermingham, T. Lamb, J.E. Neigel, Reeb C.A. and Saunders, N.C. (1987). Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematic. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 18: 489–522.
- (24) Irwin, D.M. Kocher, T.D. and Wilson, A.C. (1991). Evolution of the cytochrome *b* gene in mammals, *Journal of Molecular Evolution*, 32: 128-144.
- (25) Roehrdanz, R.L. (1993). An improved primer for PCR amplification of mitochondrial DNA in a variety of insect species, *Insect Molecular Biology*, 2: 89-91.
- (26) Meyer, A. (1994). Shortcomings of the cytochrome *b* gene as a molecular marker, *Trends in Ecology and Evolution*, 9: 278-280.
- (27) Kambhampati, S. and Smith, P.T. (1995). PCR primers for the amplification of four insect mitochondrial gene fragments, *Insect Molecular Biology* 4: 233-236.
- (28) Lunt, D.H. Zhang, D.X. Szymura, J.M. and Hewitt, G.M. (1996). The insect cytochrome oxidase I gene: evolutionary patterns and conserved primers for phylogenetic studies, *Insect Molecular Biology*, 5: 153-165.
- (29) Lanave, C. Licciulli, F. De Robertis, M. Marolla, A. and Attimonelli, M. (2002). Update of AMmtDB: a database of multi-aligned Metazoa mitochondrial DNA sequences, *Nucleic Acids Research*, 30: 174-175.
- (30) Hebert, P.D.N., Cywinska, A. Ball S.L. and deWaard, J.R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Royal Soc.*, 270: 313–321.
- (31) Zhang, Z., Schwartz, S., Wagner, L. and Miller, W. (2000). A greedy algorithm for aligning DNA sequences. *Journal of Computational Biology*, 7(1-2): 203-14.
- (32) Behura, S.K., (2006). Molecular marker systems in insects: current trends and future avenues. *Mol. Ecol.*, 15: 3087–3113.
- (33) Singh, T.R., (2008). Mitochondrial gene rearrangements: new paradigm in the evolutionary biology and systematic. *Bioinformatics*, 3: 95–97.
- (34) Campbell, B.C., Steffen-Campbell, J.D. and Warren, J.H. (1993). Phylogeny of the *Nasonia* species complex (Hymenoptera: Pteromalidae) inferred from an internal transcribed spacer (ITS2) and 28S rDNA sequences. *Insect Molecular Biology*, 2: 225-237.
- (35) Paskewitz, S.M., Wesson, D.M. and Collins, F.H. (1993). The internal transcribed spacers of ribosomal DNA in five members of the *Anopheles gambiae* species complex. *Insect Molecular Biology*, 2: 247-257.
- (36) Fenton, B., Birch, A.N.E., Malloch, G., Woodford, J.A.T., and Gonzalez, C. (1994). Molecular analysis of ribosomal DNA from the aphid *Amphorophora idaei* and an associated fungal organism. *Insect Molecular Biology*, 3: 183-190.
- (37) Schmitz, J. and Moritz, R.F.A. (1998). Molecular phylogeny of vespidae (Hymenoptera) and the evolution of sociality in wasps. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 9(2): 183-191.
- (38) Baldwin, B.G. (1992). New chromosome counts in Madiinae (Asteraceae) and their systematic significance. *Madroño*, 39(4): 307–308.
- (39) Chen, T-C., Yoon, J.H., St. Croix, K.J. and Takle, E.S. (2001). Suppressing impacts of the Amazonian deforestation by global circulation change. *Bulletin of the American Meteorological Society*, 82: 2209–2216.

- (40) Keller, I. Chintauan-Marquier, I.C. Veltsos, P. Nichols, R.A. (2006). Ribosomal DNA in the grasshopper *Podisma pedestris*: Escape from concerted evolution, *Genetics*, 174: 863-874.
- (41) Sota, T. Vogler, A.P. (2001). Incongruence of mitochondrial and nuclear gene trees in the carabid beetles *Ohomopterus*, *Systematic Biology*, 50:39-59.
- (42) Williams, J.G.K., Kubelik, A.R. Livak, K.J. Rafalski, J.A. and Tingey, S.V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers as useful as genetic markers. *Nucl. Acid Res.*, 18: 6531–6535.
- (43) Hadrys, H., Balick, M. and Schierwater, B. (1992). Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Mol. Ecol.*, 1: 55–63.
- (44) Bardakci, F., (2000). Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Turkish J. Biol.*, 25: 185–196
- (45) Wang, M. L. Barkley, N. A. and Jenkins, T. M. (2009). Microsatellite Markers in Plants and Insects. Part I: Applications of Biotechnology. *Genes, Genomes and Genomics*, 3 (1).  
[http://www.ent.uga.edu/pubs/jenkins\\_microsatellitei.pdf](http://www.ent.uga.edu/pubs/jenkins_microsatellitei.pdf)
- (46) Puillandre, N., Dupas, S., Dangles, O., Zeddiam, J.L., Capdevielle-Dulac, C., Barbin, K., Torre –Leguizamon, M. and Silvain, J-F. (2007). Genetic bottleneck in invasive species: the potato tuber moth adds to the list. *Biological Invasions*, 10(3): 319-333.
- (47) Elder, J.F. and Turner, B.J. (1995). Concerted evolution of repetitive DNA sequences in eukaryotes. *The Quarterly Review of Biology*, 70: 297–320.
- (48) Graur, D. and LI, W.H. (2000). *Fundamentals of Molecular Evolution*, Sinauer Associates, Sunderland, 604 pp.
- (49) Sharma, A.K., M.J. Mendki, S.N. Tikar, K. Chandel, D. Sukumaran, B.D. Parashar, V. Veer and O.P.S. Agarwal and Prakash, 2009. Genetic variability in geographical populations of *Culex quinquefasciatus* Say (Diptera: Culicidae) from India based on random amplified polymorphic DNA analysis. *Acta Trop.*, 112: 71–76.
- (50) Haymer, D.S. and D.O. McInnis, 1994. Resolution of populations of the Mediterranean fruit fly at the DNA level using random primers for the polymerase chain reaction. *Genome*, 37: 244–248.
- (51) Vieira, P., Burgermeister, W., Mota, M., Kai, M. and Silva, G. (2007). Lack of genetic variation of *Bursaphelenchus xylophilus* in Portugal revealed by RAPD-PCR analyses. *Journal of Nematology*, 39(2): 118–126.

## الأشكال و الجداول

**شكل 1:** خريطة جغرافية توضح أماكن جمع عينات سوسة النخيل الحمراء و توزيع الطرز الأحادية لجين الكو1 المكتشفة. يوضح كل تظليل طرز أحادي مختلف (20).  
ط-8: H1-H8، كو1: CO1

**شكل 2:** خريطة جغرافية توضح أماكن جمع عينات سوسة النخيل الحمراء و توزيع الطرز الأحادية لجين السيت ب المكتشفة. يوضح كل تظليل طرز أحادي مختلف (19).  
طب-1: HB1-HB3، سيت ب: Cytb

**شكل 3:** خريطة جغرافية توضح أماكن جمع عينات سوسة النخيل الحمراء من محافظات مصر المختلفة. مصدر الأسماء: الوكالة المركزية للتعبئة و الاحصاء (18,19,20):  
<http://www.citypopulation.de/Egypt.html>

**شكل 4:** الشبكة الجغرافية (95% بارسيموني) للطرز الأحادية لسوسة النخيل الحمراء. يوضح حجم كل دائرة عدد العينات. يوضح كل تظليل عينات جغرافية مختلفة. تمثل الطرز الأحادية المندثرة أو التي لم يتم حصرها. يمثل كل جزء من الخط طفرة نيوكليوتيدية (20).

**شكل 5:** الشجرة الفيلوجينية للطرز الأحادية. توضح الافتراضات الفيلوجينية بين الطرز الأحادية لجين الكو1 المكتشفة. يظهر فوق الخطوط قيم التكرارات المدعمة (1000 تكرار) (20).  
ط-8: H1-H8

**شكل 6:** الشجرة الفيلوجينية للطرز الأحادية. توضح الافتراضات الفيلوجينية بين الطرز الأحادية لجين السيت ب المكتشفة. يظهر فوق الخطوط قيم التكرارات المدعمة (1000 تكرار) (19).  
طب-1: HB1-HB3، سيت ب: Cytb

**شكل 7:** العلاقات بين 3 أشكال مورفولوجية ل 18 عينة من سوسة النخيل الحمراء تختلف تبعاً للون و غياب أو وجود النقاط السوداء علي الصدر الأولي من الأحساء بالمملكة العربية السعودية باستخدام الرابيد بني بدون نقط سوداء علي منطقة الصدر brns; بني بنقط سوداء عالصدر= brs; أسود= bl مجموعات أساسية، (5,4,3&6): تحت مجموعات، (9,8,7&10): تحت مجموعات ثانوية (17).

**شكل 8:** يظهر أماكن جمع 7 عينات من سوسة النخيل الحمراء من الامارات العربية المتحدة و العلاقات بينها باستخدام الرابيد (16).

**شكل 9:** يظهر العلاقات بين 61 عينة من سوسة النخيل الحمراء 13 دولة (شكل 1) باستخدام الرابيد (18).

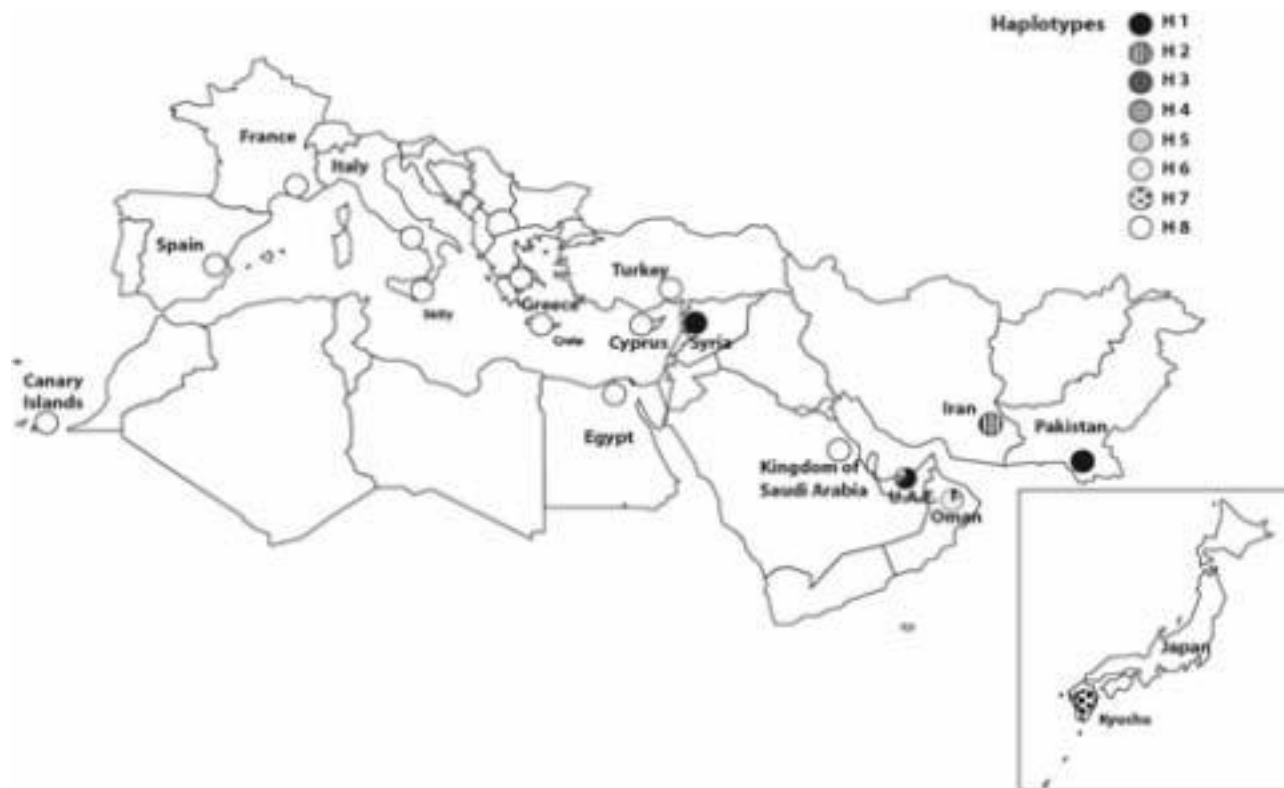
**شكل 10:** الشجرة الفيلوجينية لأنواع الرينكوفورس. توضح الافتراضات الفيلوجينية بين الأنواع المختلفة و الطرز الأحادية لجين الكو1 المكتشفة. يظهر فوق الخطوط قيم التكرارات المدعمة (1000 تكرار) (21).  
ط1-ط4،\*ط6،\*ط8: H1\*-H4\*, H6\*, H8\*

**جدول 1:** تلخيص لأهم النتائج المتحصل عليها من تحليل تتابعات الكو1 لعينات من سوسة النخيل الحمراء من 14 دولة (19).

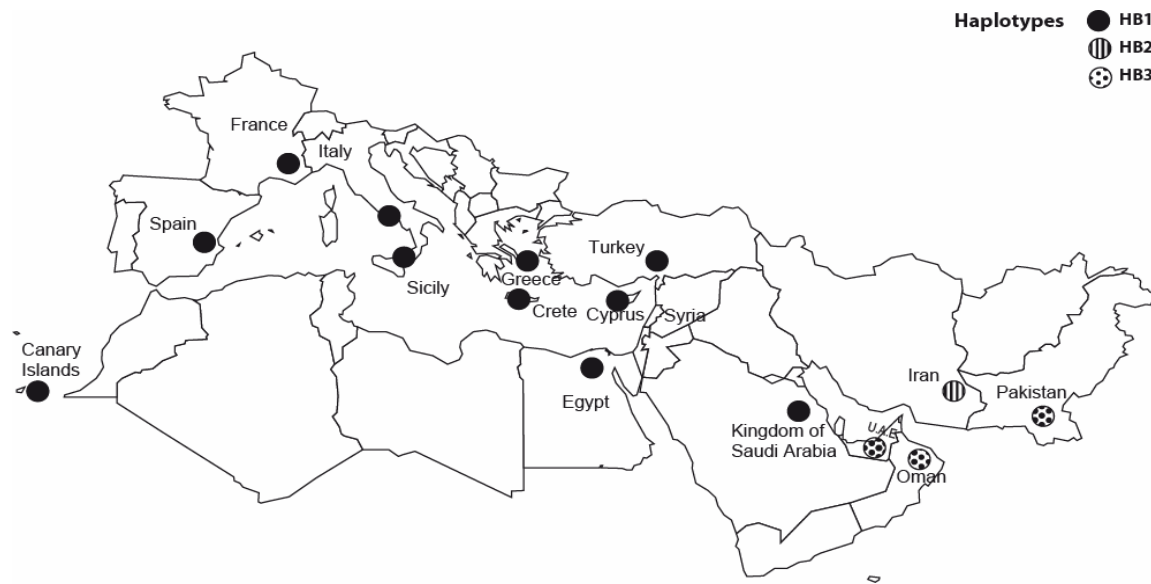
**جدول 2:** تلخيص لأهم النتائج المتحصل عليها من تحليل تتابعات السيت ب لعينات من سوسة النخيل الحمراء من 12 دولة (20).

**جدول 3:** تلخيص لأهم النتائج المتحصل عليها من تحليل تتابعات الكوا لعينات من سوسة النخيل الحمراء و أنواع أخرى لجنس الرينكوفورس (21).

شكل 1



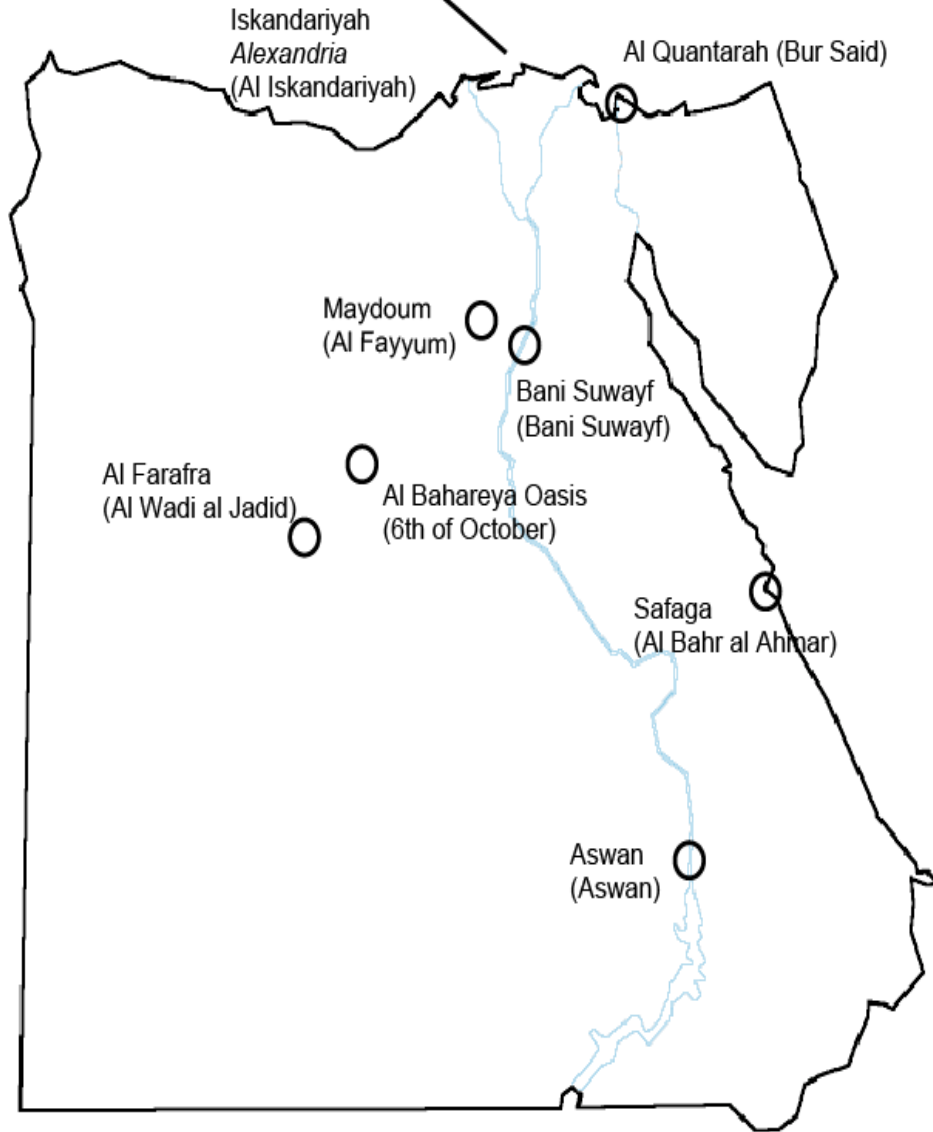
شکل 2



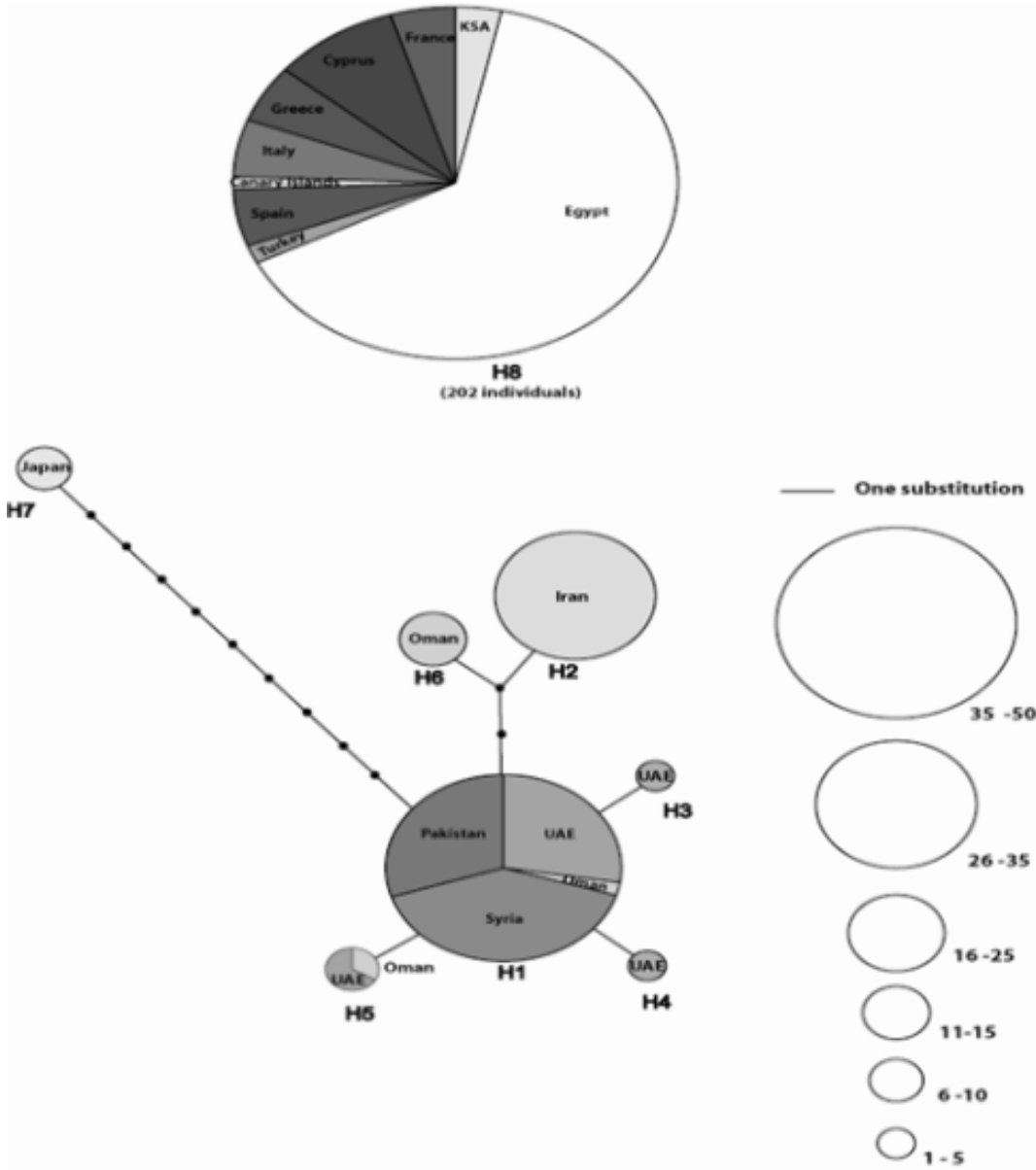


شكل 3

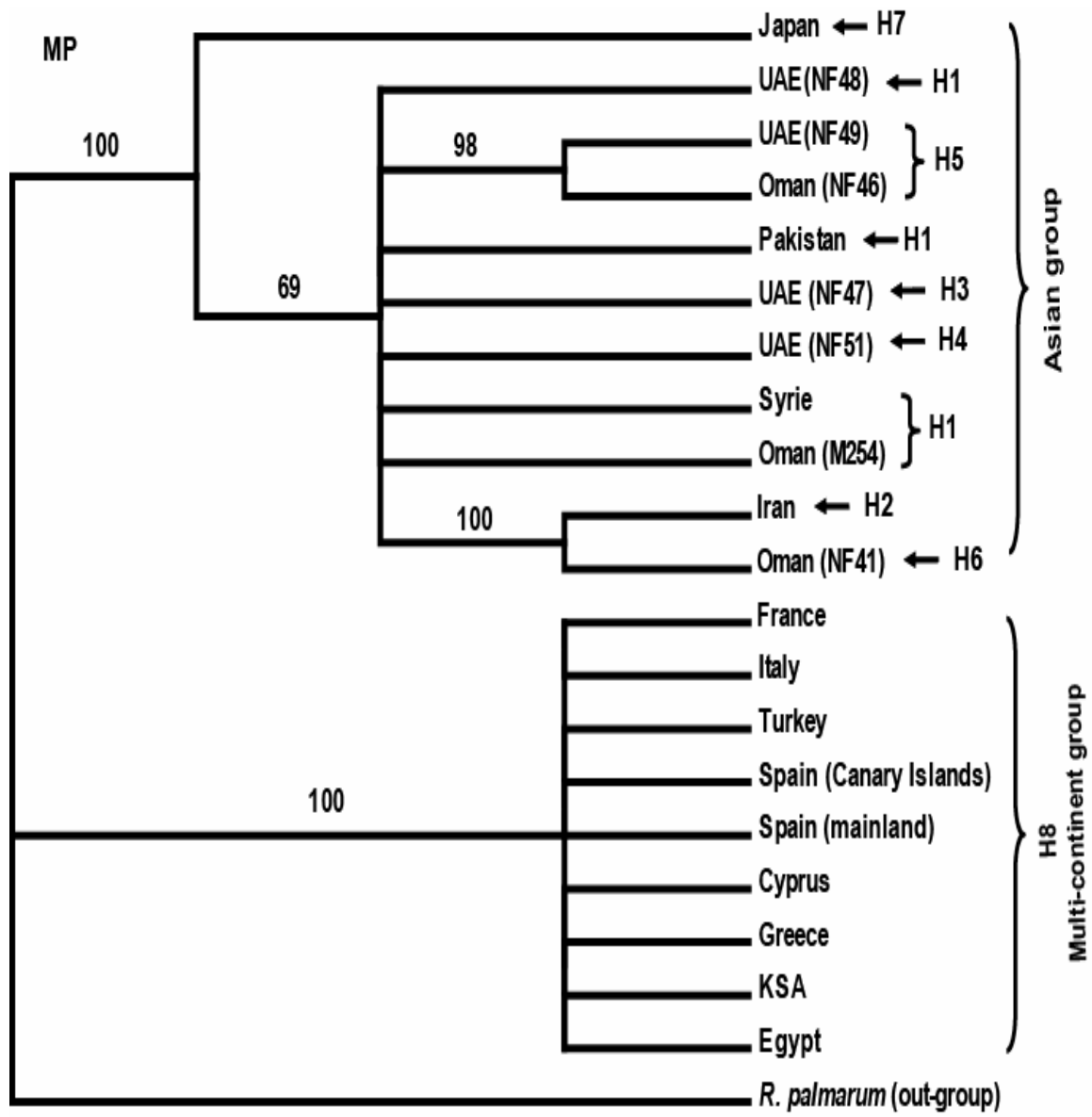
Nile Delta:  
(Al Buhayra, Al Ismailiyah, Al Jizah, 6th of October,  
Helwan, Al Minufiyah, Al Qalyubiyah, Ash Sharqiyah,  
Dumyat & Kafr ash Shykh).



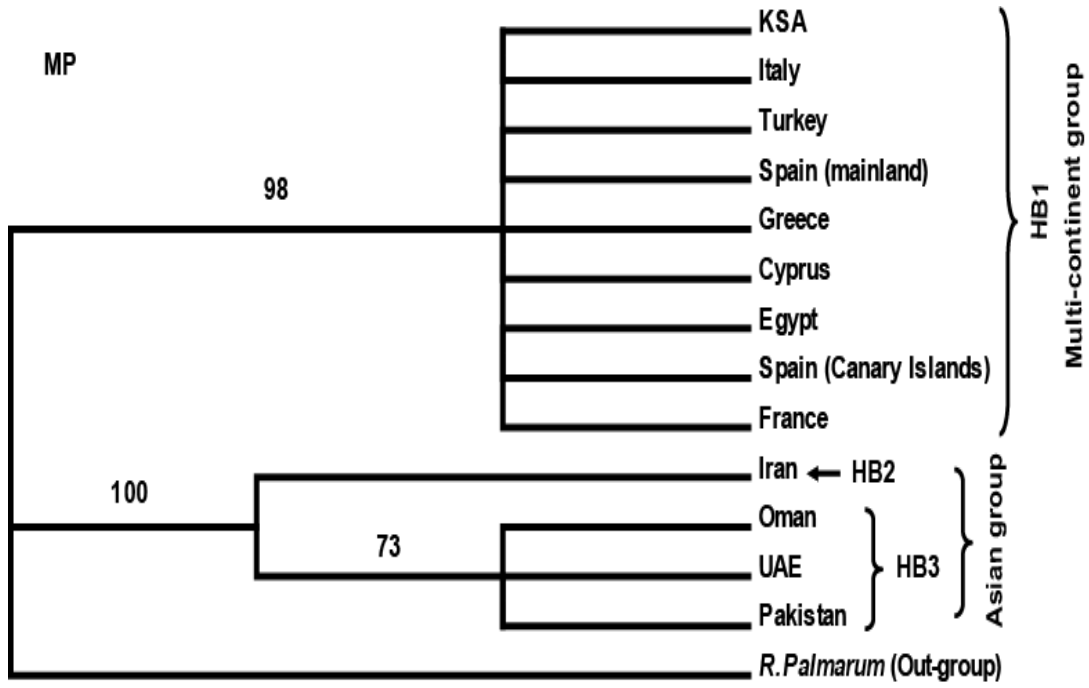
شكل 4



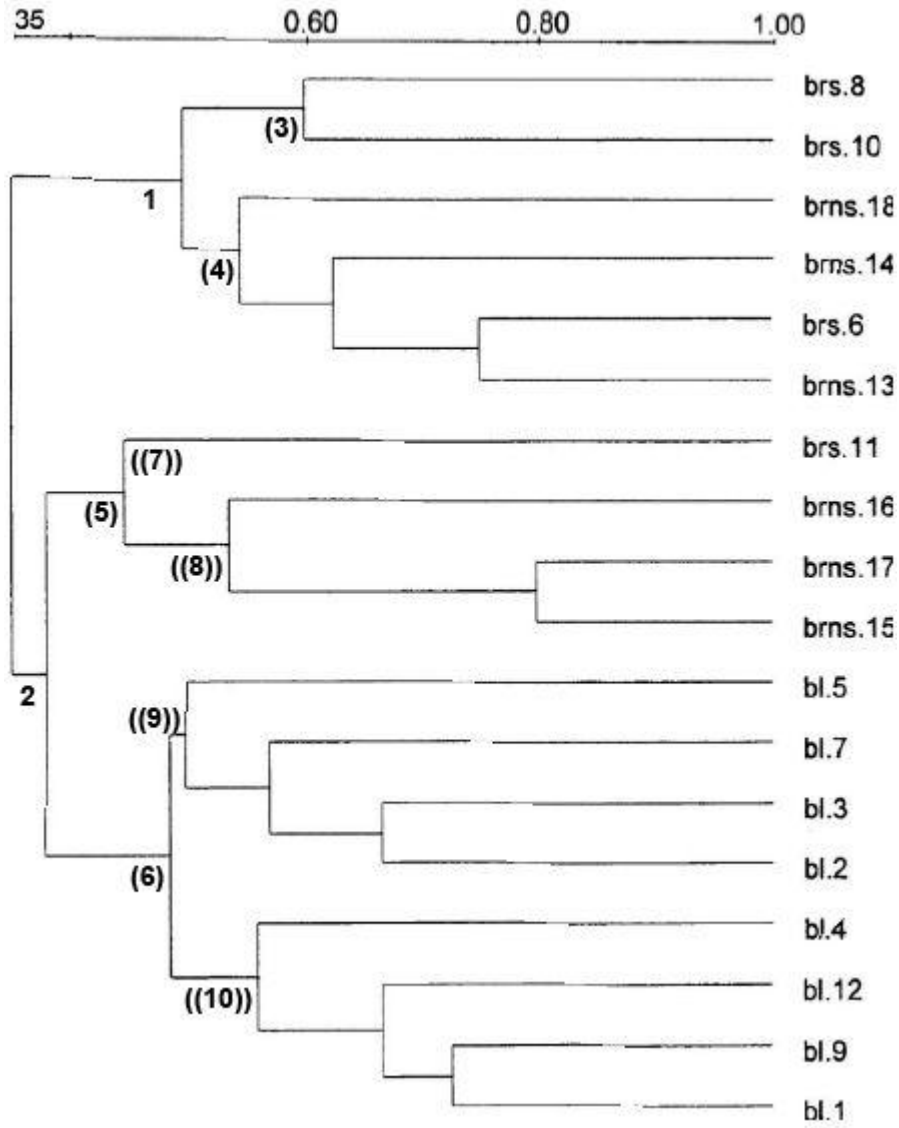
شكل 5



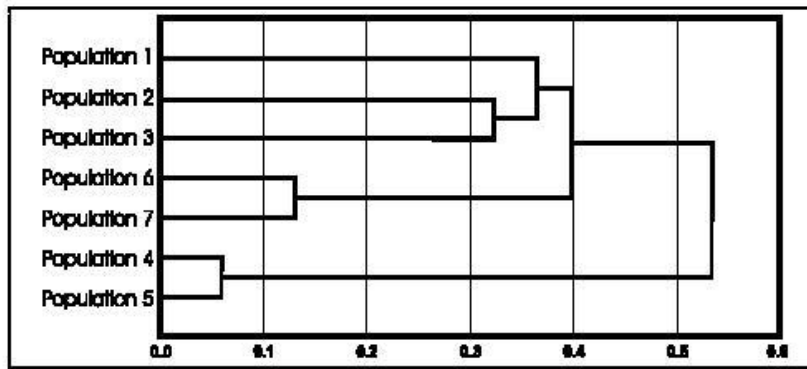
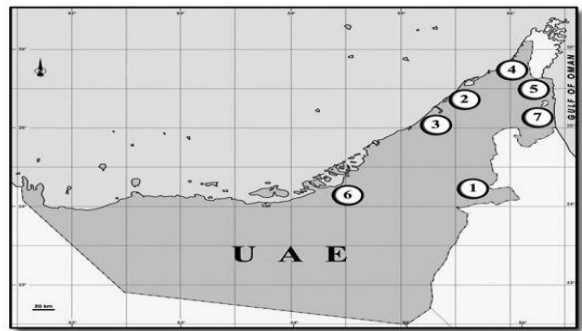
شكل 6



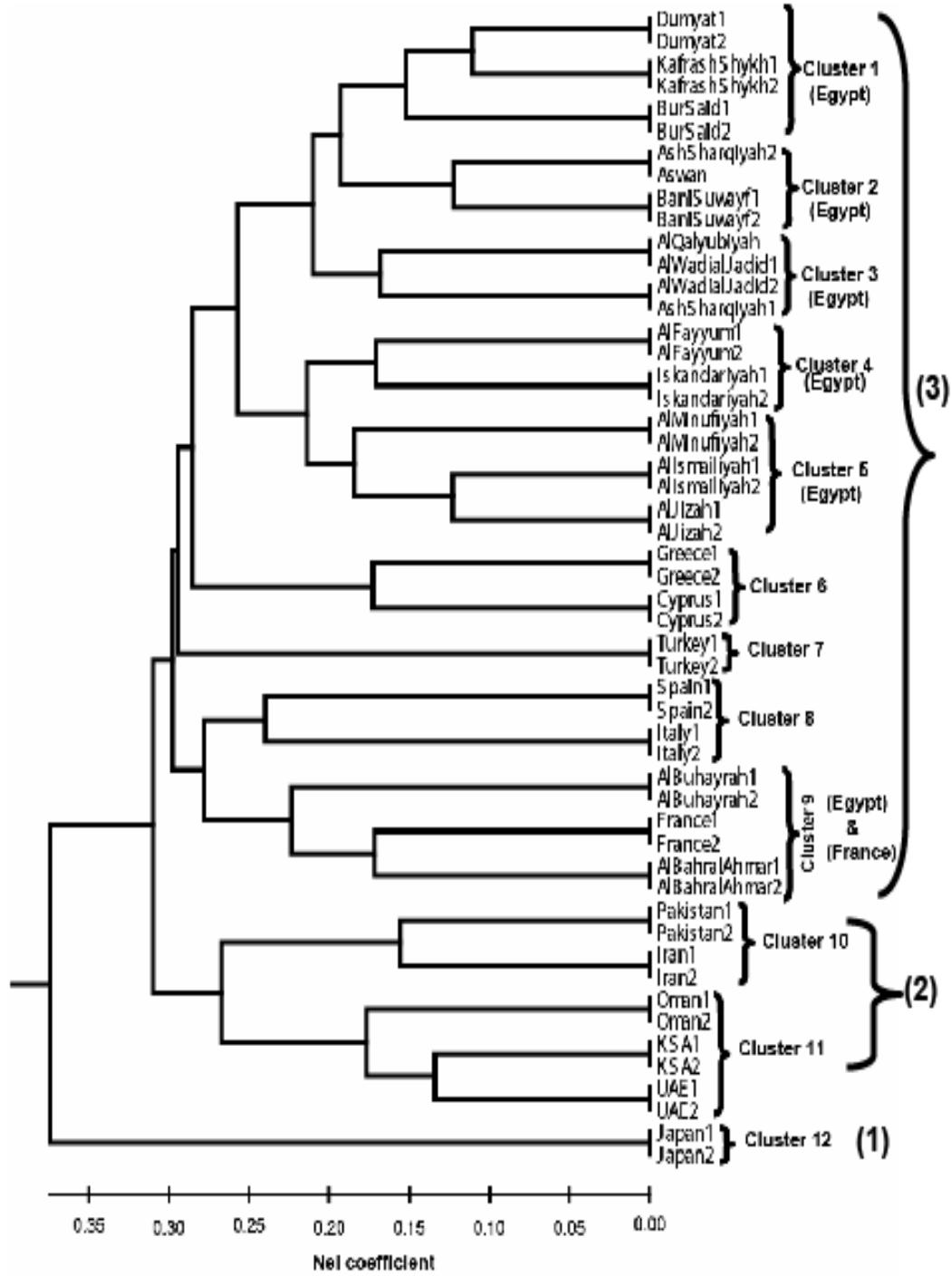
شکل 7



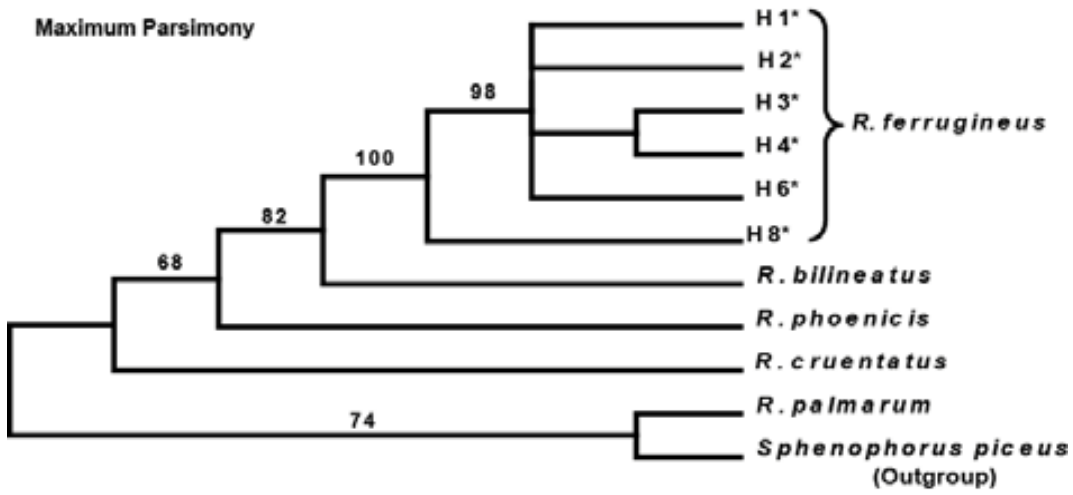
شكل 8



شكل 9



شکل 10





جدول 1

المقاييس المختلفة	النتائج و تفسيرها
عدد المواقع المتضاعفة Amplified sites	600 قاعدة مزدوجة 600 bp
عدد المواقع المدروسة Studied sites	546 قاعدة مزدوجة 546 bp
التنوع بين العشائر Inter-population variation	نعم Yes
عدد الطرز الأحادية Number of haplotypes	8 طرز أحادية سميت ط1 - ط8 (H1 to H8) 8 haplotypes
طرز أحادية اكتشف كل منهم في أكثر من بلد واحدة Haplotype found in different countries	ط1، ط5 & ط8 (H1, H5 & H8) (شكل 1 و 3)
طرز أحادية وجد كل منهم في بلد واحدة Haplotypes found in only one country each	ط2، ط3، ط4، ط6 & ط7 (H2, H3, H4, H6 & H7) (شكل 1 و 3)
إضافة أو حذف نيوكليوتيدي INDELs	لا كما وجد من قبل في الجينوم الميتوكوندري للحشرات (8,7,6,5,4)
نوع التنوع Type of variation	استبدالات نيوكليوتيدية Nucleotide substitutions
المواقع المتغيرة Variable sites	23 (4.2%) موقع منها 7 مواقع بارسيمونية
الطفرات Total no. Of mutations	24 طفرة
عدد الاختلافات الثابتة بين العشائر No. fixed differences between populations	1 to 17
التنوع الكلي للطرز الأحادي Overall haplotype diversity	0.556 متوسط
التنوع النيوكليوتيدي الكلي (Pi) Overall nucleotide diversity (Pi)	0.01238 منخفض Low heterogeneity
التنوع النيوكليوتيدي بين العشائر Nucleotide diversity (Pi) between populations	0.00069-0.01193 منخفض
أ ت % (AT %)	61.7 - 62.4 % حياذ اتجاهات كما هو شائع في الجينوم الميتوكوندري للحشرات (6,5,4)
ج س % (GC %)	37.6-38.3%
التغيرات المتشابهة Transitional substitutions	22 موقع - عبارة عن أ-ج A to G
التغيرات المختلفة Transversional substitutions	موقع واحد - عبارة عن ت-أ & ت-ج T to A and T to G
نسبة التغيرات المتشابهة/المختلفة (R) Overall transition/transversion ratio (R)	26 انحياز للتغيرات المتشابهة كما في جميع أنواع الجينوم (9)
التنوع داخل العشائر Intra-population variation	نعم Yes
تنشعب الدنا داخل العشائر (الإمارات & عمان) DNA divergence at intra-population level (UAE & Oman)	
مواقع الانعزال Number of segregating sites (S)	4 & 3 بين عينات الإمارات و عمان علي التوالي
تنوع الطرز الأحادي (h) Haplotype diversity (h)	0.58571 & 0.34167 متوسط
التنوع النيوكليوتيدي (Pi) Nucleotide diversity (Pi)	0.001240 & 0.00221 منخفض
المسافات الوراثية بين الطرز الأحادية Genetic distances between haplotypes	الأعلى 0.033 بين ط8 & ط7 (H8 & H7) الأقل 0.002 بين ط1 و كلا من ط3، ط4، ط5 (H1 & H3; H4; H5)
زمن التشعب بين الطرز الأحادية Divergence time between haplotypes	انفصل الطرز الأحادي الغازي عن باقي الطرز من حوالي 0.2 - 6 - 1.4 مليون عام
مقاييس ديموجرافية Demographic analysis	
اختبارات تاجيما للحيدانية Tajimas'D test	2.05248 حدث تأسيسي حديث A recent founder event
قيم التمايز الوراثية Fst - genetic differentiation	0.98406 تجزئة وراثية بين العشائر يتبعها ان كل منها ثابتة لطرز معين
تدفق المورثات Nm - gene flow	0 غياب تدفق المورثات و دعم للجراف الوراثي Absence of gene flow: Support the bottleneck event

## جدول 2

المقاييس المختلفة	النتائج و تفسيرها
عدد المواقع المتضاعفة Amplified sites	550 قاعدة مزدوجة 550 bp
عدد المواقع المدروسة Studied sites	440 قاعدة مزدوجة 440 bp
التنوع بين العشائر Inter-population variation	نعم Yes
عدد الطرز الأحادية Number of haplotypes	3 طرز أحادية سميت طب1 - طب3 3 haplotypes (HB1 to HB3)
طرز أحادية اكتشف كل منهم في أكثر من بلد واحدة Haplotype found in different countries	طب1 & طب3 (HB1 & HB3) (شكل 2 و 3)
طرز أحادية وجد كل منهم في بلد واحدة Haplotypes found in only one country each	طب2, HB2 (شكل 2 و 3)
إضافة أو حذف نيوكليوتيدي INDELs	لا كما وجد من قبل في الجينوم الميتوكوندري للحشرات (8,7,6,5,4)
نوع التنوع Type of variation	استبدالات نيوكليوتيدية Nucleotide substitutions
المواقع المتغيرة Variable sites	16 (4.2%) موقع كلهم مواقع بارسيمونية
الطفرات Total no. Of mutations	16 طفرة
عدد الاختلافات الثابتة بين العشائر No. fixed differences between populations	2 to 15
التنوع الكلي للطرز الأحادي Overall haplotype diversity	0.48 متوسط
التنوع النيوكليوتيدي بين العشائر Nucleotide diversity (Pi) between populations	0.025-0.003 منخفض
أ ت % (AT %)	66 - 66.5 % حياد اتجاه ا ت كما هو شائع في الجينوم الميتوكوندري للحشرات (6,5,4)
ج س % (GC %)	33.5-34%
التغيرات المتشابهة Transitional substitutions	14 موقع - عبارة عن ا-ج، ج-ا، س-ت & ت-س A to G, G to A, C to T & T to C
التغيرات المختلفة Transversional substitutions	2 موقع - عبارة عن ت-ا & ا-س T to A and C to A
نسبة التغيرات المتشابهة/المختلفة Overall transition/transversion ratio (R)	10.779 انحياز للتغيرات المتشابهة كما في جميع أنواع الجينوم (9)
التنوع داخل العشائر Intra-population variation	لا No
المسافات الوراثية بين الطرز الأحادية Genetic distances between haplotypes	الأعلى 0.039 بين طب1 & طب2 و طب1 & طب3 (HB1 & HB2 and HB1 & HB3) الأقل 0.005 بين طب2 & طب3 (HB2 & HB3)
مقاييس ديموجرافية Demographic analysis	
اختبارات تاجيما للحيدانية Tajimas'D test	1.50265 حدث تأسيسي حديث A recent founder event
قيم التمايز الوراثية Fst - genetic differentiation	1 تجزئة وراثية بين العشائر * يتبعها ان كل منها ثابتة لطرز معين
تدفق المورثات Nm - gene flow	0 غياب تدفق المورثات و دعم للجراف الوراثي Absence of gene flow: Support the bottleneck event

### جدول 3

النتائج و تفسيرها		المقاييس المختلفة				
1263 bp قاعدة مزدوجة		Amplified sites عدد المواقع المتضاعفة				
735 bp قاعدة مزدوجة		Studied sites عدد المواقع المدروسة				
66 - 69.8 % حياذ اتجاه ا ت كما هو شائع في الجينوم الميتوكونديري للحشرات		ا ت % (AT %)				
30.2-34 %		ج س % (GC %)				
6 طرز أحادية لسوسة النخيل الحمراء 6: H1*-H4* , H6* & H8* *ط6 & *ط8 , *ط4 -		Number of haplotypes of RPW				
استبدالات نيوكليوتيدية Nucleotide substitutions		نوع التنوع Type of variation				
86 singleton مواقع بارسيمونية 136 موقع منها 222 (30.2%)		Variable sites المواقع المتغيرة				
AG, GA, TC & CT ا ج , ج ا , ت س & س ت		Transitional substitutions التغيرات المتشابهة				
ا ت , ت ا , اس , س ا , ت ج , ج ت , ج س & س ج		Transversional substitutions التغيرات المختلفة				
AT, TA, AC, CA, TG, GT, GC & CG		Overall transition/transversion ratio (R) نسبة التغيرات المتشابهة/المختلفة				
32.488 انحياز للتغيرات المتشابهة كما في جميع أنواع الجينوم						
<i>R. ferrugineus</i> (H8*)		<i>R. bilineatus</i>	<i>R. phoenicis</i>	<i>R. Cruentatus</i>	<i>R. Palmarum</i>	Variable sites المواقع المتغيرة
		79 (0.12%)	98 (0.13%)	101 (0.14%)	102 (0.14%)	الطفرات
		91	107	112	115	Total no. Of mutations
		2.5	3.3	3.4	3.5	زمن التشعب (مليون سنة) Divergence time
<i>R. bilineatus</i>	0.058					المسافات الوراثية Genetic distances
<i>R. phoenicis</i>	0.076	0.084				
<i>R. Cruentatus</i>	0.079	0.083	0.081			
<i>R. Palmarum</i>	0.081	0.095	0.084	0.078		