



## Role of Vegetation in Conservation of Soil Biodiversity (Case study: the Hyrcanian Forests)

Reihaneh Saberi-Pirooz<sup>1✉</sup>  | Faraham Ahmadzadeh<sup>2</sup>

1. Corresponding Author, PhD, Department of Biodiversity and Ecosystem Management, Environmental Sciences Research Institute, Shahid Beheshti University, G.C., Evin, Tehran, Iran. E-mail: [R\\_saberipirooz@sbu.ac.ir](mailto:R_saberipirooz@sbu.ac.ir)
2. Associate Professor, Department of Biodiversity and Ecosystem Management, Environmental Sciences Research Institute, Shahid Beheshti University, G.C., Evin, Tehran, Iran. E-mail: [F\\_ahmadzade@sbu.ac.ir](mailto:F_ahmadzade@sbu.ac.ir)

### Article Info

#### Article type

Research Article

#### Article history

Received: 14 April 2024

Revised: 29 April 2024

Accepted: 30 April 2024

Published: 11 May 2024

#### Keywords:

Hyrcanian Forests

MorphOTU

MOTU

Soil Insects

Turnover

### ABSTRACT

**Objective:** Insects play an important role in forest soil biodiversity and respond to vegetation changes. The purpose of this study is to investigate the biodiversity of soil insects in the Hyrcanian forests using DNA barcoding and to investigate the effect of vegetation in forestry areas on soil insects.

**Methods:** In this research, soil insects were collected from the central area of the Hyrcanian forests using 48 transects and 72 quadrats. At first, the samples were classified into 105 MorphOTUs. Then DNA barcoding was done to identify OTUs (Operational Taxonomic Units). The difference in density and composition of soil insect communities between natural and planted forests was investigated using statistical analysis.

**Results:** A total of 87 OTUs were identified, including 59 MOTUs and 18 MorphOTUs. Statistical analysis did not show any significant difference in density between natural and planted forests. There was a significant difference in the community compositions between the two areas, indicating a turnover event when examining  $\beta$ -diversity.

**Conclusion:** Although changes in community composition were observed, the stability of soil insect communities between the two types of regions shows that the forests that were replaced by secondary trees had enough time to recover after 20 years. In addition, the findings of this research showed that diverse vegetation plays an important role in maintaining the diversity and abundance of insects.

**Cite this article:** Saberi-Pirooz, R., & Ahmadzadeh, F. (2024). Role of Vegetation in Conservation of Soil Biodiversity (Case study: the Hyrcanian Forests). *Ethnobiology and Conservation*, 1(3), 65-80. <https://doi.org/10.22091/ethc.2024.10617.1025>



©The Author(s).

DOI: <https://doi.org/10.22091/ethc.2024.10617.1025>

Publisher: University of Qom



## نقش پوشش گیاهی در حفاظت از تنوع زیستی خاک (مطالعه موردی جنگل‌های هیرکانی)

ریحانه صابری پیروز<sup>۱</sup> | فراهم احمدزاده<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> نویسنده مسئول، دکترا، گروه تنوع زیستی و مدیریت اکوسیستم‌ها، پژوهشکده علوم محیطی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران. رایانامه: [R\\_saberipirooz@sbu.ac.ir](mailto:R_saberipirooz@sbu.ac.ir)

<sup>۲</sup> دانشیار، گروه تنوع زیستی و مدیریت اکوسیستم‌ها، پژوهشکده علوم محیطی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران. رایانامه: [F\\_ahmadzade@sbu.ac.ir](mailto:F_ahmadzade@sbu.ac.ir)

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله پژوهشی	<b>هدف:</b> حشرات نقش مهمی در تنوع زیستی خاک جنگل‌ها دارند و به تغییرات پوشش گیاهی پاسخ می‌دهند. هدف از این مطالعه بررسی تنوع زیستی حشرات خاک‌زی در جنگل‌های هیرکانی با استفاده از تکنیک‌های بارکدینگ DNA و بررسی تأثیر پوشش گیاهی در مناطق جنگلی بر حشرات خاک‌زی است.
تاریخچه دریافت: ۱۴۰۳/۰۱/۲۶ بازنگری: ۱۴۰۳/۰۲/۱۰ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۲/۱۱ انتشار: ۱۴۰۳/۰۲/۲۲	<b>مواد و روش‌ها:</b> در این پژوهش حشرات خاک‌زی از ناحیه مرکزی جنگل‌های هیرکانی با استفاده از ۴۸ ترانسکت و ۷۲ کوادرات جمع‌آوری شدند. در ابتدا نمونه‌ها به ۱۰۵ MorphOTU دسته‌بندی شدند. سپس برای شناسایی واحدهای عملکردی تاکسونومیک (MOTUها)، بارکدینگ DNA انجام شد. تفاوت تراکم و ترکیب جوامع حشرات خاک‌زی بین جنگل‌های طبیعی و دست کاشت با استفاده از آنالیزهای آماری مورد بررسی قرار گرفت.
کلیدواژه‌ها جنگل‌های هیرکانی حشرات خاک‌زی MOTU MorphOTU Turnover	<b>نتایج:</b> در مجموع ۸۷ OTU شناسایی شد که شامل ۵۹ MOTU و ۱۸ MorphOTU بود. آنالیزهای آماری، تفاوت معنی‌داری را در تراکم بین جنگل‌های طبیعی و کاشته شده نشان نداد. اما تفاوت میان ترکیب جوامع آن‌ها بین این دو ناحیه معنی‌دار بود. بررسی تنوع $\beta$ بین این دو ناحیه، بیانگر رویداد Turnover است.
	<b>نتیجه‌گیری:</b> اگرچه تغییراتی در ترکیب جامعه مشاهده شد، اما پایداری جوامع حشرات خاک‌زی بین دو نوع زیستگاه نشان می‌دهد که جنگل‌هایی که با درختان ثانویه جایگزین شدند، پس از گذشت ۲۰ سال، زمان کافی برای بازیابی داشته‌اند. علاوه بر این، یافته‌های این پژوهش نشان داد که پوشش گیاهی متنوع نقش مهمی در حفظ تنوع و فراوانی بیشتری از حشرات دارد.

**استناد:** صابری پیروز، ریحانه، و احمدزاده، فراهم (۱۴۰۳). نقش پوشش گیاهی در حفاظت از تنوع زیستی خاک (مطالعه موردی جنگل‌های هیرکانی). قوم

زیست‌شناسی و حفاظت، ۱(۳)، ۸۰-۶۵. <https://doi.org/10.22091/ethc.2024.10617.1025>



## مقدمه

خاک یکی از متنوع‌ترین زیستگاه‌ها روی زمین است. تعیین فاکتورهایی که این تنوع را در مقیاس‌های مختلف ایجاد می‌کنند، همواره جزء بزرگ‌ترین چالش‌ها در مطالعات اکولوژی خاک به شمار می‌روند. در دهه‌های اخیر فعالیت‌های انسانی توانایی خاک را در فراهم کردن عملکردهای متنوع با اختلال روبرو کرده است (Hargreaves et al., 2003). جنگل‌ها یکی از مهم‌ترین اکوسیستم‌ها در سراسر جهان هستند که همواره از فرسایش خاک، رانش زمین و سیل جلوگیری می‌کنند و همچنین تأثیر مثبتی بر آب و هوای مناطق اطراف خود دارند. در دهه‌های اخیر مساحت شمار زیادی از مناطق جنگلی در سراسر جهان به طرز چشمگیری کاهش یافته است (Islam and Weil, 2000; Song et al., 2018; Liu et al., 2019). جنگل‌زدایی و به دنبال آن کاشت مجدد درختان عوامل متعددی را در ویژگی‌های زیست‌شناسی و اکولوژی خاک تغییر داده و بر فعل و انفعالات موجودات زنده خاک چه آن‌ها که در زیر زمین زندگی کرده و چه آن‌ها که در روی خاک هستند، تأثیر می‌گذارد (Wolters, 2000). چنین تغییراتی باعث شده تا تعادل جوامع مهندسی خاک بر هم خورد (Lavelle et al., 1997) و تنوع زیستی از دست رود (Wilson et al., 1988; Laurance, 2007). به طور کلی، غنای بالای گونه‌های درختی تأثیر مستقیم بر کیفیت بستر و جوامع جانوری خاک دارد (Korboulewsky et al., 2016). جنگل‌ها با گونه‌های متعدد می‌توانند ویژگی‌های زیستگاه را تحت تأثیر قرار داده و بر موجودات زنده خاک تأثیرات مهمی داشته باشند (Bertheau et al., 2009; Sylvain and Buddle, 2020; Meyer et al., 2010). تاجیک و همکاران در سال ۲۰۱۹، به بررسی اثرات ترکیب گونه‌های درختی بر ویژگی‌های خاک و بی‌مهرگان در یک جنگل برگ‌ریز هیرکانی پرداختند. نتایج این مطالعه نشان داد که ویژگی‌های خاک و جوامع بی‌مهرگان خاک تحت تأثیر گونه‌های درختی غالب قرار گرفته‌اند و اثرات آن با تغییر نسبت گونه‌های مختلف درختی رابطه مستقیم دارد (Tajik et al., 2019). علاوه بر این، جنگل‌های قدیمی به دلیل تنوع گونه‌های درختی، رده‌های سنی متفاوت از درختان و ویژگی‌های ساختاری منحصربه‌فرد طیف متنوعی از منابع زیستگاهی را برای موجودات جنگلی فراهم می‌کنند و نسبت به جنگل‌های جوان‌تر تنوع زیستی غنی‌تری دارند (Ishii et al., 2004; Humphrey, 2005). از سوی دیگر، احیای جنگل‌ها یا استقرار جنگل‌ها در مناطقی که قبلاً جنگلی شده بودند، تأثیر قابل‌توجهی بر حفظ تنوع زیستی دارد (Lindenmayer and Hobbs, 2004; Nelson and Halpern, 2005). دلیل این امر این است که احیای جنگل‌ها به‌طور اساسی ساختار و عملکرد اکوسیستم را تغییر داده و منجر به تغییر در سایه، تولید، چرخه مواد مغذی و تعادل آب می‌شود.

جنگل‌های هیرکانی، بقایای جنگل‌های قدیمی با درختان اکثراً پهن‌برگ برگ‌ریز منحصربه‌فرد در جهان است که به صورت یک کمربند طولانی و باریک در شیب شمالی رشته کوه البرز، در نزدیکی سواحل جنوبی دریای خزر امتداد یافته است (Hosseini, 2010; Naqinezhad et al., 2008; Siadati et al., 2006). این ناحیه‌ی جنگلی از تالش در جنوب شرقی جمهوری آذربایجان تا گلستان در شمال شرق ایران امتداد یافته است و عمدتاً سه استان گیلان، مازندران و گلستان را در ایران در برمی‌گیرد. به طور کلی، این ناحیه حدود ۸۰۰ کیلومتر طول، ۱۱۰ کیلومتر عرض داشته و با ۱/۸ میلیون هکتار مساحت، ۱۵ درصد از جنگل‌های ایران را شامل می‌شوند (Salehi and Maleki, 2012; Talebi et al., 2013). این منطقه منبع عظیمی از تنوع زیستی، تنوع ژنتیکی و انواع مختلفی از خدمات محیط زیستی است (Haghdooost et al., 2011). همچنین این اکوسیستم باستانی پناهگاه بسیاری از گونه‌ها در طی عصر یخبندان بوده که این امر سبب شده تا این جنگل‌ها به عنوان مرکز مهمی برای تنوع گونه‌های بومزاد انحصاری<sup>۱</sup> و پنهان<sup>۲</sup> به شمار روند (Ahmadi et al., 2018; Ahmadzadeh et al., 2013, 2020). جنگل‌های هیرکانی در فهرست میراث جهانی یونسکو به ثبت رسیده است و از مهم‌ترین گونه‌های درختی این جنگل‌ها می‌توان به این گونه‌ها اشاره کرد (Haghdooost et al., 2011; Tohidifar et al., 2016): *betulus* (European Hornbeam), *Acer Fagus orientalis* (Oriental Beech), *Carpinus* (et al., 2016), *cappadocicum* (Cappadocian *velutinum* (Velvet Maple), *Quercus castaneifolia* (Caucasian Oak), *Acer* (Alder) and *Tilia platyphyllos* (Large-leaved Linden) Maple), *Alnus subcordata*

<sup>1</sup>. Endemic

<sup>2</sup>. Cryptic

علی‌رغم اهمیت جنگل‌های هیرکانی، آن‌ها با تهدیدات متعددی از جمله چرای ناپایدار و بی‌رویه، پاک‌تراشی، برداشت غیرقانونی درختان و جمع‌آوری چوب خشک، تردد وسایل نقلیه در جاده‌های جنگلی، شکار غیرقانونی، گردشگری ناپایدار و تغییر کاربری اراضی مواجه هستند. این جنگل‌ها برای حفظ سلامت خاک، چرخه مواد مغذی و عملکرد اکوسیستم‌ها در منطقه بسیار مهم هستند. ویژگی‌های منحصربه‌فرد این جنگل‌ها، آن‌ها را به اکوسیستمی ارزشمند تبدیل کرده و حفظ آن‌ها برای مدیریت پایدار جنگل‌ها و حفظ تنوع زیستی در منطقه ضروری است (Jafari et al., 2013).

در جنگل‌ها، حشرات جزء اصلی تنوع زیستی خاک هستند (Coleman and Wall, 2015). ساختارهای جامعه آن‌ها به طور گسترده‌ای تحت تأثیر فعالیت‌های انسانی بر محیط زیست قرار می‌گیرد. از این‌رو، از آن‌ها به عنوان شاخص‌های زیستی برای ارزیابی کیفیت خاک استفاده می‌شود (McIntyre, 2000; Rousseau et al., 2010; Turbé et al., 2010; Vasconcellos et al., 2013). با توجه به اینکه روابط بین تنوع گونه‌ای حشرات، ساختار جنگل و دستکاری‌های انسانی در جنگل‌های هیرکانی کم‌تر مورد توجه قرار گرفته است، از این رو هدف از این مطالعه شناسایی تنوع زیستی حشرات جنگل‌های هیرکانی و تأثیر پوشش گیاهی در حفاظت از تنوع و جوامع این حشرات می‌باشد.

## مواد و روش‌ها

### منطقه مورد مطالعه

در این مطالعه برای انتخاب زیستگاه، مناطق جنگلی استان مازندران بررسی شدند، سپس سه منطقه انتخاب شدند. برای هر منطقه دو ناحیه شامل ناحیه کنترل (جنگل طبیعی) و ناحیه دست‌کاشت انتخاب شد. ناحیه کنترل منطقه‌ای است که فعالیت انسانی به ندرت در آن صورت گرفته یا فاقد فعالیت‌های انسانی است. همچنین، پوشش گیاهی آن از فلور طبیعی منطقه برخوردار بوده و شامل جنگل‌کاری دست‌کاشت نیست. در این مطالعه به سبب بررسی تأثیر پوشش گیاهی روی گروه حشرات، سه جنگل با پوشش گیاهی متفاوت انتخاب شدند (شکل ۱). جنگل واتاشان (36.486667, 52.028333) که دارای جنگل طبیعی توسکا (*Alnus*) و جنگل کاشته شده با ترکیب افرا (*Acer*) و بلوط (*Quercus*) است. جنگل تیلانکار (36.6947, 51.1955) با پوشش گیاهی از مجموعه درختان بومی مانند *Alnus*، *Quercus*، *Acer*، زبان گنجشک (*Fraxinus*) و غیره در ناحیه طبیعی و یک جنگل دست‌کاشت از درختان غیربومی سکویا (*Sequoiadendron*) است. در آخر جنگل پرده‌سر (36.82004, 50.880048) که دارای جنگلی طبیعی از مجموعه‌ای از درختان بومی *Fraxinus*، *Alnus*، *Quercus*، *Acer* و غیره و یک جنگل کاشته شده با همان ترکیب پوشش گیاهی است.



شکل ۱. منطقه مورد مطالعه در استان مازندران، جنگل ۱ (واتاشان)، جنگل ۲ (تیلانکار) و جنگل ۳ (پرده‌سر)

## نمونه‌برداری

در هر یک از این نواحی جنگلی برای جمع‌آوری دقیق‌تر حشرات از هر دو روش کوادرات و ترانسکت استفاده شد (Saber-Pi-rooz et al., 2024). به منظور افزایش دقت مطالعه انجام شده در هر ناحیه دو سایت انتخاب شد. در هر سایت نمونه‌ها از درون شش کوادرات ۰/۵ × ۰/۵ متر از میان لاشبرگ، سطح خاک و همچنین عمق خاک (۰-۱۰ سانتی‌متر) جمع‌آوری شدند. علاوه بر این، به دلیل تخمین بهتر تنوع زیستی، جمع‌آوری حشرات از میان چهار ترانسکت (هر کدام به ابعاد ۱/۵ متر در ۱۰ متر) در هر ۱۲ سایت انجام شد. نمونه‌های جمع‌آوری شده در اتانول ۹۶ درصد قرار گرفتند. به طور کلی، در مجموع در این مطالعه ۷۲ کوادرات و ۴۸ ترانسکت مورد بررسی قرار گرفتند.

## بررسی‌های ریخت‌شناسی

نمونه‌های جمع‌آوری شده به آزمایشگاه اکولوژی مولکولی پژوهشکده علوم محیطی دانشگاه شهید بهشتی انتقال یافت. آن‌ها ابتدا به گروه‌های اصلی (راسته) طبقه‌بندی شدند و سپس بر اساس کلیدهای شناسایی ریختی (Hojat, 1996; Lane and Crosskey, 2012) به واحدهای ریختی تاکسونومیک<sup>۱</sup> MorphOTU طبقه‌بندی شدند. به‌طور کلی، ۱۰۵ MorphOTU از میان نمونه‌های جمع‌آوری شده، شناسایی شد.

## مطالعات بارکدینگ DNA

برای شناسایی دقیق‌تر تنوع زیستی، آنالیزهای مولکولی انجام شد. استخراج DNA با استفاده از روش استاندارد نمکی (Sambrook and Russell, 2001) و کیت استخراج DNA IRaizol (RNA Biotech, اصفهان، ایران) صورت گرفت. بدین منظور، قطعه‌ای از ژن میتوکندری سیتوکروم اکسیداز c زیر واحد ۱ (COI) با استفاده از چندین جفت پرایمر تکثیر شد (جدول ۱). واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR)<sup>۲</sup> برای حجم کل ۲۵ میکرولیتر (شامل ۱۲/۵ میکرولیتر مسترمیکس امپلیکون دانمارک، یک میکرولیتر از هر پرایمر، یک میکرولیتر DNA و ۹/۵ میکرولیتر آب دو بار تقطیر دیونیزه شده، انجام شد. شرایط دمایی فرآیند PCR در جدول ۱ اشاره شده است. برای آگاهی از کیفیت محصولات PCR، هر یک از آن‌ها روی ژل آگارز ۱٪ شارژ شد. سپس نمونه‌هایی انتخابی و برخوردار از کیفیت مناسب، به روش سنجر توسط شرکت نیاژن نور (تهران، ایران) توالی‌یابی شدند. ابتدا توالی‌های به دست آمده از این مطالعه با استفاده از نرم افزار (Biomatters, Genious pro v. 9) [www.geneious.com](http://www.geneious.com) ویرایش گردیدند. سپس به منظور شناسایی توالی‌های ویرایش شده، هر کدام از توالی‌ها در سایت<sup>۳</sup> NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) با استفاده از ابزار استاندارد هم‌ترازی محلی بر پایه نوکلئوتیدی (BLASTn) (Altschul et al., 1990) و سیستم‌های داده بارکد زندگی<sup>۴</sup> (Ratnasingham and Hebert, 2007) و جست و جو شدند (<https://www.boldsystems.org/>).

برای مقایسه گروه‌های مختلف حشرات و ترسیم درخت تبارشناختی، توالی‌های حاصل از این پژوهش، با استفاده از نرم‌افزار MAFFT v.6 (Kato et al., 2017) (<https://mafft.cbrc.jp/>)؛ الگوریتم<sup>۵</sup>؛ خودکار؛ ماتریس امتیازدهی<sup>۶</sup>؛ Pam/k = ۲؛۲۰۰؛ پینالتی باز شکاف<sup>۷</sup> (۱/۵۳) هم‌ردیف شدند. تعیین بهترین مدل تکاملی با استفاده از نرم افزار (Posada and Crandall, 1998)

1. Morphological Operational Taxonomic Units

2. Polymerase chain reaction (PCR)

3. National Center for Biotechnology Information (NCBI)

4. Barcode of Life Data Systems (BOLD)

5. Algorithm

6. Scoring matrix

7. Gap open penalty

Mrmodeltest v.2.3 و ترسیم درخت بیشینه احتمال با استفاده از نرم‌افزار IQ-Tree v.1.6.12 (Nguyen et al., 2015) با بوت استرپ<sup>۱</sup> ۱۰۰۰ انجام شد. روش آماری پرکاربرد bPTP (Zhang et al., 2013) برای تعیین حدود دودمان‌های نامزد فرضی<sup>۲</sup>، مورد استفاده قرار گرفت. در این مطالعه درخت تبارشناختی به‌دست‌آمده به‌عنوان فایل ورودی تجزیه و تحلیل bPTP استفاده شد. این مطالعه از طریق وب سرور آنالین (<http://species.h-its.org/ptp/>) با  $5 \times 10^5$  نسل MCMC و burn in ۱۰ درصد اجرا شد. فاصله‌ی ژنتیکی اصلاح نشده (*p*- distance) درون هر کدام از راسته‌های حشرات نیز با استفاده از نرم افزار (Kumar et al., 2018) Mega X محاسبه شد.

جدول ۱. فهرست پرایمرهای مورد استفاده در این پژوهش به همراه شرایط دمایی برای انجام واکنش PCR

نام پرایمر	توالی	منبع	چرخه PCR
LCO1490	5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG	Folmer et al., 1994	95 °C for 10 min and 34 cycles of 94 °C for 45 sec, 48°C for 45 sec, 72 °C for 60 sec; final extension 72 °C for 10 min
HCO2198	5'- TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA		
LCO1490-JJ	5'-CHACWAAYCATAAAGATATYGG	Astrin and Stüben, 2008	95 °C for 15 min; first cycle set (15 repeats): 94 °C for 35 sec, 55 °C (-1 °C/cycle) for 90 sec, and at 72 °C for 90 sec; Second cycle set (25 repeats): 94 °C for 35 sec, 40 °C for 90 sec, and 72 °C for 90 sec; final extension 72 °C for 10 min
HCO2198-JJ	5'-AWACTTCVGGRTGVCCAAAAARAATCA		
COIF-PR115	5'-TCWACNAAYCAYAARGAYATTGG	Darling et al., 2008	95 °C for 10 min and 34 cycles of 94 °C for 45 sec, 48°C for 45 sec, 72 °C for 60 sec; final extension 72 °C for 10 min
COIR-PR114	5'-ACYTCNGGRTGNCCRAARARYCA		
COI-7	5'-ACNAAYCAYAARGAYATYGGNAC	Shimizu and Ueshima, 2000	95 °C for 1 min and 30 cycles of 94 °C for 30 sec, 45°C for 45 sec, 72 °C for 2 min; final extension 72 °C for 10 min
COI-6R	5'-TCNGGRTARTCNWRANCGNCG		

## بررسی‌های آماری

آنالیزهای آماری روی OTUها (MOTU<sup>۳</sup> و MorphOTU) در کوادرات‌ها و ترانسکت‌ها به‌صورت جداگانه انجام شد. همچنین مقایسه تراکم حشرات (نمونه‌های شمارش شده در هر گروه طبقه‌بندی / مساحت کوادرات) میان راسته‌ها انجام شد. مقایسه تراکم حشرات بین نواحی طبیعی و دست‌کاشت در هر جنگل (مقیاس محلی) و برای سه جنگل با هم (منطقه مورد مطالعه-مقیاس وسیع)، با استفاده از تحلیل واریانس دو طرفه<sup>۴</sup> و تابع aov در محیط R انجام شد. به دنبال آن تست‌های دو طرفه Tukey HSD برای گروه‌های معنی‌دار در مقایسه انجام شد. مفروضات آنالیز تحلیل واریانس شامل همگنی واریانس‌ها و نرمال بودن باقیمانده‌ها به ترتیب با آزمون‌های Levene ( $p > 0.05$ ) و Shapiro-Wilk ( $p > 0.05$ ) با استفاده از بسته نرم-افزاری car v. 1.2-7 (Fox et al., 2007) در محیط R مورد بررسی قرار گرفت.

<sup>1</sup>. Bootstrap

<sup>2</sup>. Species delimitation

<sup>3</sup>. Molecular Operational Taxonomic Units

<sup>4</sup>. Two-way ANOVA

برای بررسی تفاوت‌ها بین جوامع حشرات نواحی طبیعی و دست‌کاشت در هر جنگل، از بسته آماری (betapart) (Baselga et al., 2018) در R استفاده شد. در این بررسی شاخص عدم تشابه جاکارد و داده‌های حضور و عدم حضور OTUها به کار گرفته شد.

به منظور ارزیابی تفاوت‌ها در ترکیب جوامع حشرات، از یک رویکرد چند متغیره به نام تحلیل واریانس چند متغیره جایگشتی (PERMANOVA) استفاده شد. این آنالیز با استفاده از ماتریس‌های عدم تشابه جاکارد از طریق بسته آماری Vegan با جایگشت باقی‌مانده‌ها ( $n = 9999$ ) تحت مدل کاهش‌یافته، به صورت دو طرفه انجام شد.

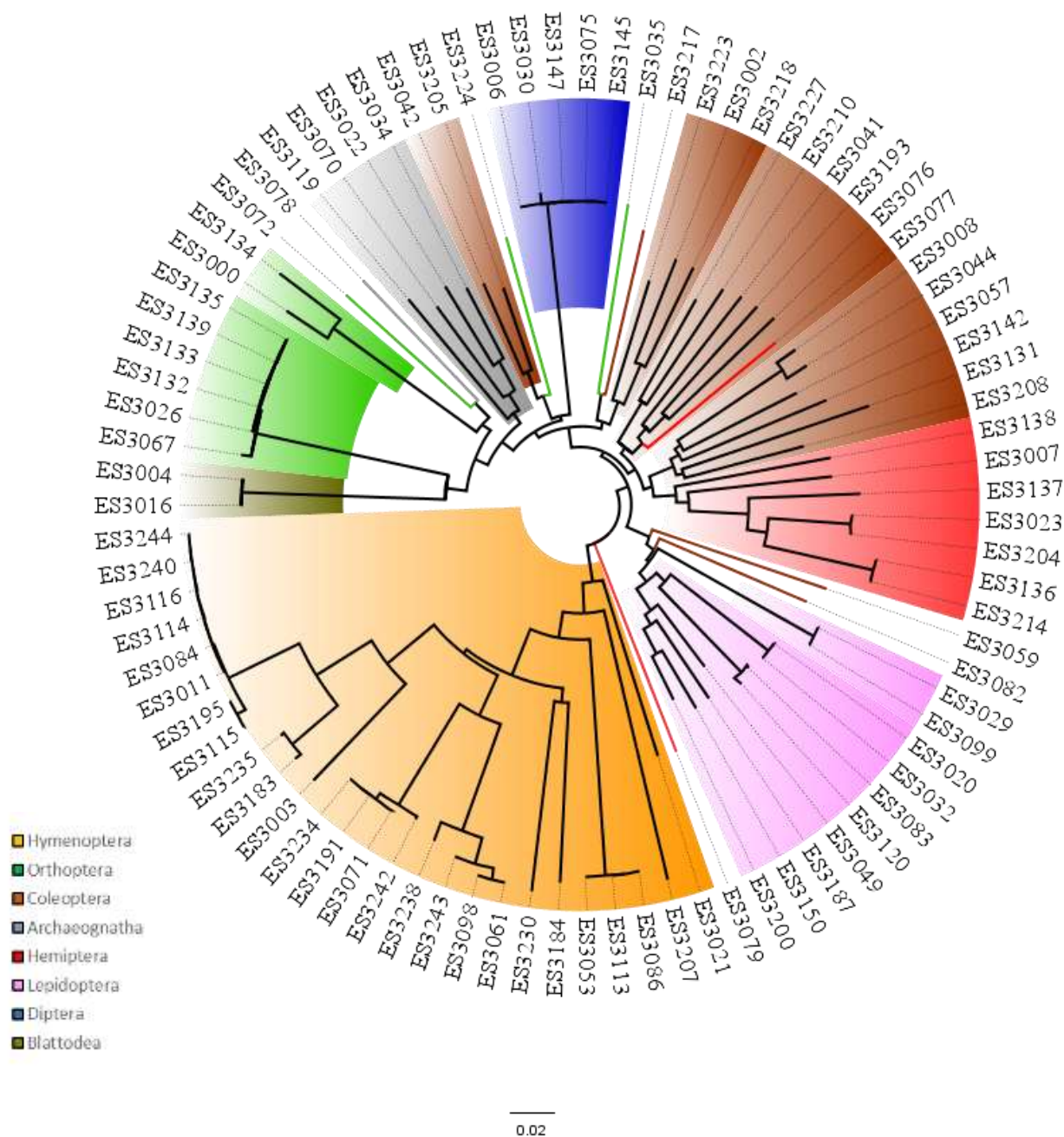
## نتایج

### مطالعات ریخت‌شناسی و بارکدینگ

در این مطالعه، از مجموع نمونه‌های جمع‌آوری شده از کوادرات و ترانسکت با استفاده از صفات برجسته ریخت‌شناسی، ۱۰۵ MorphOTU شناسایی شد. از این میان ۸۷ OTU به صورت موفق توالی‌یابی شدند. مقایسه توالی‌های به دست آمده از این پژوهش با مجموعه داده‌های موجود برای ژن COI در NCBI و BOLD نشان داد که بیش از ۹۰ درصد نمونه‌ها تا سطح خانواده شناسایی شدند (جدول ۲). بر اساس فواصل ژنتیکی بین افراد از بین توالی‌های به دست آمده ۵۹ MOTU شناسایی شد. معیار مورد استفاده برای تخصیص توالی به MOTU فاصله ژنتیکی بیش از ۱/۵ درصد بین توالی‌ها بود. درخت تبارشناختی حاصل نیز نشان داد که شاخه‌های انتهایی تقریباً نتایجی مشابهی را با فاصله‌ی ژنتیکی از خود نشان دادند (شکل ۲). آنالیز bPTP نیز ۵۰ دودمان فرضی را از میان نمونه‌ها نشان داد که اکثر دودمان‌ها با پشتیبانی بالا حمایت شدند ( $< 80\%$ ). در مجموع، بررسی نتایج حاصل از آنالیزهای ژنتیکی منجر به شناسایی ۵۹ MOTU در این مطالعه شد. به طور کلی، با استفاده از هر دو روش بارکدینگ ژنتیکی و ریخت‌شناسی، ۷۷ واحد تاکسونومیک که شامل ۱۸ MorphOTU و ۵۹ MOTU می‌باشد از کل نمونه‌های مورد مطالعه در این پژوهش شناسایی شد (جدول ۲).

### نتایج تجزیه و تحلیل‌های آماری

در این مطالعه جنگل‌های واتاشان و پرده‌سر، بیشترین مجموع تعداد OTUها را به خود اختصاص دادند و در هر سه جنگل مورچه‌ها از بیشترین تراکم برخوردار بودند (شکل ۳). فراوانی کل در رویشگاه‌های طبیعی بیشتر از مناطق کاشته شده بود. نتایج ANOVA در این مطالعه نشان داد که تفاوت میان سه جنگل و بین نواحی دست‌کاشت و طبیعی در محدوده مورد مطالعه معنی‌دار است اما اثر متقابل بین جنگل‌های طبیعی و کاشته شده تفاوت معنی‌داری را از خود نشان نداد (جدول ۳). تجزیه و تحلیل PERMANOVA نیز نشان داد که ترکیب جوامع OTUها بین جنگل‌ها در دو بررسی با کوادرات و ترانسکت متفاوت بود اما برهمکنش متناظر آن‌ها تنها در ترانسکت از خود تفاوت نشان داد (جدول ۳). بررسی پارتیشن‌بندی تنوع  $\beta$  نشان داد که Turnover عامل غالب در تفاوت جوامع حشرات بین نواحی دست‌کاشت و طبیعی در هر جنگل بود. الگوهای Turnover مشاهده شده در کوادرات‌ها و ترانسکت‌ها در جنگل‌های مختلف مشابه بود (جدول ۴). برای این مقایسه عدد صفر به این معنی است که به هیچ وجه Turnover روی نداده و عدد یک نشان‌دهنده حداکثر Turnover است.



شکل ۲. درخت تبارشناختی ترسیم شده بر اساس سیتوکروم اکسیداز c زیر واحد یک (COI)، هر راسته از حشرات با یک رنگ نمایش داده شده است.

### بحث

این پژوهش یک بررسی جامع روی تنوع حشرات خاکزی در جنگل هیرکانی با استفاده از ترکیبی از تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی و ریخت‌شناسی است. یافته‌های این مطالعه به‌طور جامع نشان می‌دهد که جنگل‌زدایی و درخت‌کاری پس از آن تأثیر قابل‌توجهی بر ترکیب جوامع حشرات خاکزی داشته است. این بررسی بر تأثیر نوع و تنوع پوشش گیاهی بر ساختار و ترکیب جوامع این جانوران تأکید دارد.

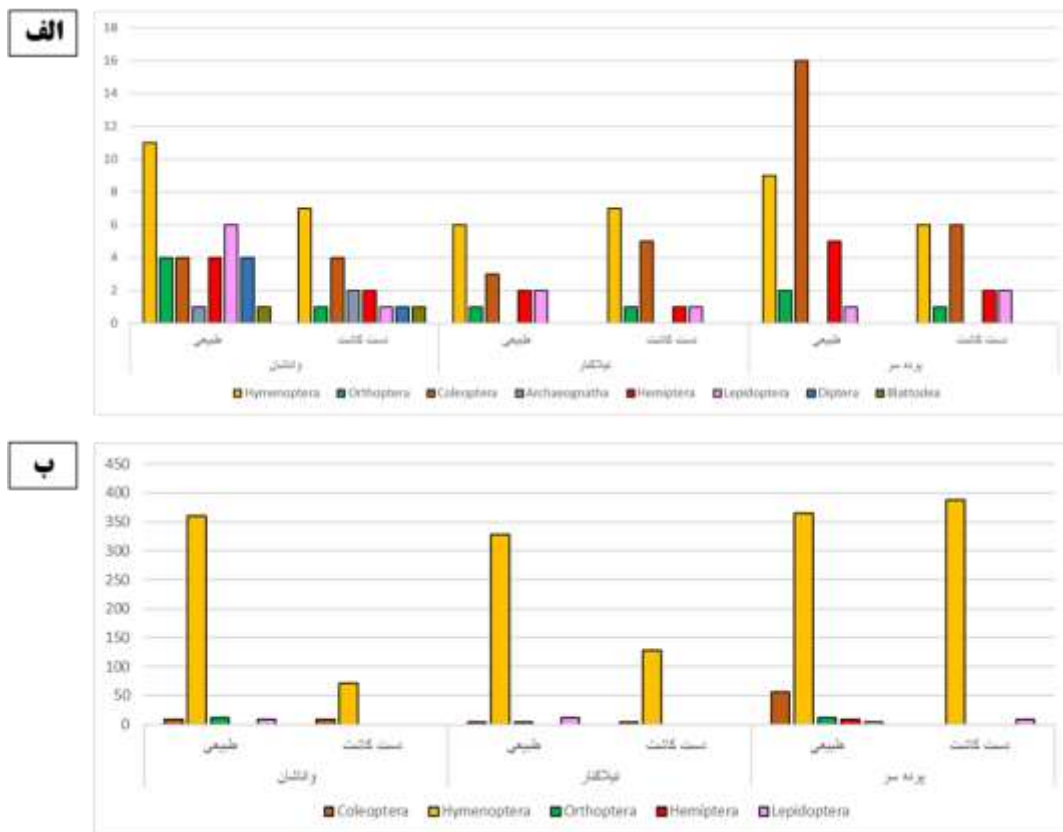


جدول ۲. مجموعه داده‌های ژنتیکی حشرات به دست آمده از مطالعات بارکدینگ به همراه کد شناسه، شماره MorphOTU / MOTU، طبقه‌بندی تاکسونومیک و شماره دسترسی

Code ID کد شناسه	Accession number شماره دسترسی	MOTU/ MorphOTU	Phylum شاخه	Class رده	Order راسته	Family خانواده	Genus جنس	Species گونه
ES3000	PP100530	124	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	—	—	—
ES3002	PP100532	61	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Carabidae	—	—
ES3003	PP100533	100	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Formica</i>	—
ES3004	PP100534	130	Arthropoda	Insecta	Blattodea	Blattidae	<i>Phyllodromica</i>	—
ES3006	PP100536	131	Arthropoda	Insecta	Archaeognatha	Machilidae	—	—
ES3007	PP100537	92	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Pentatomidae	—	—
ES3008	PP100538	62	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Staphylinidae	—	—
ES3011	PP100541	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
ES3016	PP100545	130	Arthropoda	Insecta	Blattodea	Blattidae	<i>Phyllodromica</i>	—
ES3020	PP100548	117	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Erebidae	—	—
ES3021	PP100549	102	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Tenthredinidae	<i>Ametastegia</i>	<i>A. pallipes</i>
ES3022	PP100550	87	Arthropoda	Insecta	Diptera	Fanniidae	<i>Fannia</i>	<i>F. umbrosa</i>
ES3023	PP100551	93	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Lygaeidae	<i>Lygaeidae</i>	—
ES3026	PP100554	125	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Acrididae	<i>Clubiona</i>	<i>C. frutetorum</i>
ES3029	PP100556	118	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Bucculatricidae	—	—
ES3030	PP100557	131	Arthropoda	Insecta	Archaeognatha	Machilidae	—	—
ES3032	PP100559	117	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Erebidae	—	—
ES3034	PP100560	88	Arthropoda	Insecta	Diptera	Fanniidae	—	—
ES3035	PP100561	126	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Trigonidiidae	—	—
ES3041	PP100566	63	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Staphylinidae	—	—
ES3042	PP100566	64	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Carabidae	—	—
ES3044	PP100567	65	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Staphylinidae	—	—
ES3049	PP100571	119	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Noctuidae	—	—
ES3053	PP100575	103	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Hypoconera</i>	<i>H. opacior</i>
ES3057	PP100579	66	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	—	—	—
ES3059	PP100581	67	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Coccinellidae	<i>Coccinellidae</i>	—
ES3061	PP100583	104	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Aphaenogaster</i>	—
ES3067	PP100587	125	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Acrididae	<i>Chorthippus</i>	—
ES3070	PP100590	89	Arthropoda	Insecta	Diptera	Chyromyidae	—	—
ES3071	PP100591	105	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Aphaenogaster</i>	—
ES3072	PP100592	127	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	—	—	—
ES3075	PP100593	131	Arthropoda	Insecta	Archaeognatha	Machilidae	—	—
ES3076	PP100594	68	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	—	—	—
ES3077	PP100595	94	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Nabidae	<i>Himacerus</i>	<i>H. mirmicoides</i>
ES3078	PP100596	90	Arthropoda	Insecta	Diptera	Asilidae	<i>Neoitamus</i>	<i>N. cyanurus</i>
ES3079	PP100597	95	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	—	—	—
ES3082	PP100600	69	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Curculionidae	—	—
ES3083	PP100601	120	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Pyalidae	—	—
ES3084	PP100602	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Lasius</i>	<i>L. alienus</i>
ES3086	PP100604	103	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Hypoconera</i>	<i>H. opacior</i>
ES3098	PP100612	118	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Bucculatricidae	<i>Bucculatrix</i>	<i>B. cidarella</i>
ES3113	PP100620	103	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Hypoconera</i>	<i>H. opacior</i>
ES3114	PP100621	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicoidea	<i>Lasius</i>	<i>L. alienus</i>
ES3115	PP100622	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicoidea	<i>Lasius</i>	<i>L. alienus</i>
ES3116	PP100623	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicoidea	<i>Lasius</i>	<i>L. alienus</i>
ES3119	PP100626	91	Arthropoda	Insecta	Diptera	Stratiomyidae	—	—
ES3120	PP100627	120	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Pyalidae	<i>Lamoria</i>	<i>L. anella</i>
ES3131	PP100633	70	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Chrysomelidae	<i>Altica</i>	<i>A. tamaricis</i>
ES3132	PP100634	125	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Acrididae	<i>Chorthippus</i>	<i>C. cazurroi</i>
ES3133	PP100635	125	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Acrididae	<i>Chorthippus</i>	—
ES3134	PP100636	128	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Tettigoniidae	<i>Pholidoptera</i>	<i>P. griseoptera</i>
ES3135	PP100637	125	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Acrididae	—	—
ES3136	PP100638	96	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Rhyparochromidae	<i>Scolopostethus</i>	<i>S. thomsoni</i>
ES3137	PP100639	97	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Rhyparochromidae	—	—
ES3138	PP100640	98	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Pentatomidae	<i>Aelia</i>	<i>A. acuminata</i>

ادامه جدول ۲.

ES3139	PP100641	125	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	Acrididae	—	—
ES3142	PP100642	71	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Tenebrionidae	<i>Lagria</i>	<i>L. hirta</i>
ES3145	PP100644	131	Arthropoda	Insecta	Archaeognatha	Machilidae	—	—
ES3147	PP100646	132	Arthropoda	Insecta	Archaeognatha	Machilidae	—	—
ES3150	PP100648	121	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Spodoptera</i>	<i>S. littoralis</i>
ES3183	PP100669	106	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Lasius</i>	—
ES3184	PP100670	107	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Tetramorium</i>	<i>T. caespitum</i>
ES3187	PP100671	122	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Erebidae	<i>Arctia</i>	<i>A. caja</i>
ES3191	PP100674	105	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Aphaenogaster</i>	<i>A. subterranea</i>
ES3193	PP100675	72	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Tenebrionidae	—	—
ES3195	PP100676	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Lasius</i>	—
ES3200	PP100677	123	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Erebidae	<i>Hyphantria</i>	<i>H. cunea</i>
ES3204	PP100680	93	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Lygaeidae	—	—
ES3205	PP100681	73	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Carabidae	<i>Amara</i>	<i>A. familiaris</i>
ES3207	PP100683	108	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Ichneumonidae	<i>Colpoptrochia</i>	—
ES3208	PP100684	74	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Geotrupidae	<i>Trypocopris</i>	—
ES3210	—	75	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Chrysomelidae	<i>Chrysolina</i>	—
ES3214	PP100688	99	Arthropoda	Insecta	Hemiptera	Rhyparochromidae	<i>Scolopostethus</i>	<i>S. thomsoni</i>
ES3217	PP100690	76	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Carabidae	<i>Brachinus</i>	<i>B. crepitans</i>
ES3218	PP100691	77	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Carabidae	<i>Bembidion</i>	<i>B. genei</i>
ES3223	PP100693	78	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Carabidae	<i>Harpalus</i>	<i>H. rufipes</i>
ES3224	PP100694	129	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	—	—	—
ES3227	PP100696	79	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Chrysomelidae	<i>Chrysolina</i>	<i>C. coeruleans</i>
ES3230	PP100698	109	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Myrmica</i>	—
ES3234	PP100699	105	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Aphaenogaster</i>	<i>A. subterranea</i>
ES3235	PP100700	111	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Lasius</i>	<i>L. platythorax</i>
ES3238	PP100702	111	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
ES3240	PP100703	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Lasius</i>	—
ES3242	PP100705	105	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Aphaenogaster</i>	<i>A. subterranea</i>
ES3243	PP100706	104	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
ES3244	PP100707	101	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	<i>Lasius</i>	—
Morphotype 1	—	133	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Carabidae	—	—
Morphotype 2	—	134	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	—	—	—
Morphotype 3	—	135	Arthropoda	Insecta	Orthoptera	—	—	—
Morphotype 4	—	136	Arthropoda	Insecta	Diptera	Fanniidae	—	—
Morphotype 5	—	137	Arthropoda	Insecta	Diptera	—	—	—
Morphotype 6	—	138	Arthropoda	Insecta	Diptera	—	—	—
Morphotype 14	—	146	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 15	—	147	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 16	—	148	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 17	—	149	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 18	—	150	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 19	—	151	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 34	—	166	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 35	—	167	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 36	—	168	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 37	—	169	Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	Formicidae	—	—
Morphotype 38	—	170	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Staphylinidae	—	—
Morphotype 39	—	171	Arthropoda	Insecta	—	—	—	—



شکل ۳. نمودار (الف) مقایسه تعداد OTUها و نمودار (ب) فراوانی حشرات بر اساس راسته‌های شناسایی شده در نواحی طبیعی و دست-کاشت، هر رنگ نماینده یک راسته می‌باشد.

جدول ۳. نتایج آنالیز تک متغیره (ANOVA) برای تراکم کل حشرات و چند متغیره (PERMANOVA) برای ترکیب جوامع حشرات به تفکیک کواترات و ترانسکت

PERMANOVA (ترانسکت)	PERMANOVA (کواترات)	ANOVA	
$F = 5/231, p = 0/001$	$F = 2/431, p = 0/003$	$F = 5/230, p = 0/007$	همه مناطق (۳ جنگل)
$F = 1/359, p = 0/121$	$F = 0/895, p = 0/55$	$F = 17/108, p = 0/0001$	ناحیه (طبیعی یا دست کاشت)
$F = 2/382, p = 0/010$	$F = 1/357, p = 0/164$	$F = 2/629, p = 0/172$	منطقه* ناحیه

جدول ۴. نتایج پارتیشن‌بندی تنوع زیستی بتا بین نواحی طبیعی و دست‌کاشت برای هر جنگل به تفکیک کواترات و ترانسکت

Total $\beta$ -diversity	Nestedness	Turnover		جنگل
0/985	0/038	0/940	کواترات	جنگل واتاشان
0/985	0/043	0/942	ترانسکت	
0/993	0/042	0/956	کواترات	جنگل تیلکانار
0/990	0/001	0/890	ترانسکت	
0/987	0/023	0/963	کواترات	جنگل پرده‌سر
0/985	0/047	0/938	ترانسکت	

## برآورد تنوع زیستی حشرات

مطالعات اندکی در زمینه‌ی بی‌مهرگان در ایران صورت گرفته است (Tohidifar et al., 2016). اکثر فون حشرات کشور نیز ناشناخته مانده است، تنها گزارش‌های اندکی از حشرات وجود دارد (Paknia et al., 2008). در این پژوهش برای حصول اطمینان از جمع‌آوری کامل حشرات خاک‌زی و به حداقل رساندن خطاها در جمع‌آوری نمونه و افزایش دقت در نمونه‌برداری از دو روش کوادرات و ترانسکت استفاده شد.

نتایج حاصل از این پژوهش، در مجموع منجر به شناسایی ۱۰۵ MorphOTU از محدوده‌ی مورد بررسی شده است. از این میان ۵۹ OTU به صورت ژنتیکی (MOTU) و ۱۸ OTU علی‌رغم تلاش‌های متعدد و به‌کارگیری چندین پرایمرهای پرایمر تنها به صورت ریخت‌شناسی MorphOTU شناسایی شدند (جدول ۱ و ۲). تجزیه و تحلیل‌های مبتنی بر OTU دارای مزیت‌های گسترده‌ای است. یکی از دلایل اهمیت استفاده از واحدهای تاکسونومیک برخلاف شناسایی ریختی تا سطح گونه و طبقه‌بندی مشخص است (Porter and Hajibabaei, 2020). نبود کلیدهای شناسایی دقیق برای بسیاری از گروه‌ها در کنار تأکید بر تشخیص بسیاری از گونه‌ها تنها در مراحل خاصی از زندگی و یا تأکید بر یک جنس (جنس نر) شناسایی بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناسی را دچار چالش‌هایی کرده است. علاوه بر این صرف وقت زیاد و عدم دسترسی به متخصصان تاکسونومیک برای هر گروه، فرآیند شناسایی را بدین روش پیچیده‌تر کرده است. این امر سبب شده تا برخی از گونه‌ها، حتی قبل از جمع‌آوری و شناسایی ناپدید شده باشند (Lavelle and Lapied, 2003). مقایسه نتایج حاصل از شناسایی تنوع زیستی با استفاده از داده‌های ریخت‌شناسی و ژنتیکی بیانگر آن است که استراتژی بارکدینگ امکان شناسایی سریع و دقیق اکثر OTUها را فراهم می‌کند. اسمیت و همکاران (۲۰۰۵) دریافتند که رویکردهای مبتنی بر توالی‌های ژنتیکی مقیاسی را برای بررسی تنوع ارائه می‌دهند که تنها با ریخت‌شناسی غیرممکن است. در مجموع این‌طور برداشت می‌شود که استفاده از ابزارهای ژنتیکی برای طبقه‌بندی و بررسی اکولوژی و علم حفاظت در نقاط داغ، به ویژه برای گونه‌های کوچک، بسیار متنوع یا کشف‌نشده، حیاتی هستند (Smith et al., 2005).

## مقایسه ساختار جوامع حشرات

بر اساس یافته‌های این پژوهش، نتایج حاصل از بررسی‌های ترانسکت و کوادرات تقریباً همسو بوده است. نتایج حاصل از آنالیزهای تک متغیره ANOVA و چندمتغیره PERMANOVA (جدول ۳) و به همراه نتایج تنوع بتا (جدول ۴)، بیانگر آن است که ترکیب اجتماعات حشرات تغییر کرده است اما جمعیت کل آن‌ها بین دو ناحیه در هر جنگل ثابت مانده است. این‌طور پیش‌بینی می‌شود که پس از قطع درختان و کاشت ثانویه برای بیش از ۲۰ سال، جنگل‌های کاشته شده احیا شده‌اند، به عبارت دیگر جنگل زمان کافی برای احیای خود داشته است، اگرچه ترکیب جوامع تغییر کرده است (Saberi-Pirooz and Ahmadzadeh, 2024; Saberi-Pirooz et al., 2024). در مقایسه سه منطقه جنگلی، پرده‌سر دارای تنوع OTU و فراوانی کل بیشتر بود چه در ناحیه طبیعی و چه در ناحیه دست کاشت (شکل ۳). این الگو را می‌توان به کاشت چندین گونه درختی بومی (متعلق به جنس‌هایی مانند *Fraxinus*, *Alnus*, *Quercus*, *Acer* و غیره) پس از احیای جنگل در این منطقه نسبت داد، در حالی که جنگل‌های دیگر عمدتاً توسط یک یا دو گونه درختی احیا شده بودند (واتاشان: *Quercus* و *Acer*; تیلا کنار: سکویا). کیفیت بستر گونه‌های درختی خاص نیز می‌تواند تأثیرات قابل توجهی بر جوامع جانوری خاک داشته باشد (Korboulewsky et al., 2016). علاوه بر این، Lavelle و همکاران (۲۰۲۲) در مطالعات خود، اهمیت پوشش گیاهی و سایر پارامترهای محیطی را در تعیین جوامع بی‌مهرگان برجسته کردند. آن‌ها به این نکته اشاره کردند که افزایش غنای درختان به طور قابل توجهی بر ساختار جامعه ارگانوسم‌های خاک تأثیر می‌گذارد (Lavelle et al., 2022). Bayranvand و همکاران (۲۰۲۱) گزارش دادند که ترکیب گونه‌های درختی بر ویژگی‌های بستر جنگل تأثیر می‌گذارد (Bayranvand et al., 2021). و به دنبال آن، کیفیت بستر تولید شده توسط گونه‌های مختلف درخت به طور قابل توجهی بر نرخ تجزیه و پویایی کانی سازی مؤثر است (Lucas-Borja et al., 2019). بنابراین، اختلالاتی که منجر به تغییر در پوشش گیاهی می‌شود، اثرات قابل توجهی بر ساختار جامعه بی‌مهرگان و ویژگی‌های بستر و لایه‌های خاک دارد (Perry and Herms, 2019). در مجموع تغییرات در ساختار پوشش گیاهی، منجر به

تغییر در دسترس بودن منابع، ریز اقلیم یا سایر متغیرهای اکولوژیک می‌شود که تأثیر قوی بر فراوانی حشرات مانند مورچه‌ها دارند (Watt et al., 2002; Heděnec et al., 2022).

به طور کلی، این مطالعه بر اهمیت حیاتی تلاش‌های احیای جنگل با استفاده از طیف متنوعی از گونه‌های بومی برای حفظ تنوع زیستی جانوران خاک‌زی و کاهش اثرات جنگل‌زدایی تأکید می‌کند. از این‌رو برای حفظ تنوع زیستی خاک در جنگل‌های ثانویه، استفاده از درختان بومی و همچنین ترکیبی از گونه‌های گیاهی به شدت توصیه می‌شود. انتخاب گونه‌های درختی و شیوه‌های مدیریت جنگل تأثیر مستقیمی بر غنای گونه‌ای و ایجاد ترکیب‌های مختلف جامعه دارد. از آنجایی که یک گروه عملکردی تحت تأثیر احیای جنگل قرار می‌گیرد، انتظار می‌رود که برخی از گونه‌ها ناپدید شوند درحالی‌که برخی دیگر زیستگاه جدید را مستعمره کنند. همان‌طور که در مطالعات دیگر نیز مشاهده شد (Elmarsdottir et al., 2008; Moghimian et al., 2013)، ارزیابی گسترده گونه‌ها در جنگل‌های طبیعی و ثانویه نشان داد که نوع گیاهان مورد استفاده در مناطق جنگلی شده تأثیری بر جانوران خاک دارد. بنابراین، برنامه‌ریزی و مدیریت جنگل باید دربرگیرنده‌ی استراتژی‌هایی باشد تا به حفظ تنوع زیستی، به‌ویژه در مناطق با گونه‌های زیستگاهی منحصربه‌فرد یا گونه‌های کمیاب منجر شود (Elmarsdottir et al., 2008).

### نتیجه‌گیری

در این پژوهش برای اولین بار شناسایی حشرات خاک‌زی جنگل‌های هیرکانی با استفاده از روش‌های ریخت‌شناسی و مولکولی انجام شد. مقایسه جنگل‌های طبیعی و کاشته شده نشان داد که علی‌رغم اینکه تراکم حشرات بین جنگل‌های طبیعی و کاشته شده معنی‌دار نبود، اما ترکیب جوامع تفاوت معنی‌داری را بین این دو ناحیه در هر جنگل نشان داد. این به این معنی است که تنوع در این جنگل‌ها بی‌صدا و به طور گسترده تغییر کرده است. پیش‌بینی می‌شود که در جنگل‌های ثانویه که بیش از ۲۰ سال کاشته شده‌اند، جنگل زمان کافی برای ترمیم جمعیت‌های خود را داشته است، علاوه بر این نتایج این پژوهش نشان داد که جنگل‌های کاشته شده دارای تنوع زیستی و فراوانی کل کمتری هستند. در این پژوهش توجه به پوشش گیاهی به ویژه کاشت ترکیبی از گونه‌های بومی در نواحی دست‌کاشت به‌عنوان یک ابزار مؤثر در تنوع و پراکنش حشرات خاک‌زی حائز اهمیت شناخته شد. به‌طور کلی، از آنجایی که نرخ جنگل‌زدایی در کل جنگل‌های هیرکانی همچنان در حال افزایش است، انجام بررسی‌های تخصصی و جامع می‌تواند منجر به انجام اقدامات مؤثر برای حفاظت از جنگل‌ها شود.

### تشکر و قدردانی

از معاونت محترم سازمان جنگل‌ها و مراتع کشور و جنگلبانان محترم به خاطر همکاری در اجرای پژوهش حاضر سپاسگزاری می‌شود. از آقای دکتر قاضیلو به خاطر بازبینی ارائه نظرهای ساختاری تشکر و قدردانی می‌شود.

### منابع

- Ahmadi, M., Naderi, M., Kaboli, M., Nazarizadeh, M., Karami, M., & Beitollahi, S. M. (2018). Evolutionary applications of phylogenetically-informed ecological niche modelling (ENM) to explore cryptic diversification over cryptic refugia. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 127, 712–722.
- Ahmadzadeh, F., Flecks, M., Carretero, M. A., Mozaffari, O., Böhme, W., Harris, D. J., & Rödder, D. (2013). Cryptic speciation patterns in Iranian rock lizards uncovered by integrative taxonomy. *PLoS One*, 8(12), e80563.
- Ahmadzadeh, F., Shahrokhi, G., Saberi-Pirooz, R., Oladi, M., Taati, M., Poyarkov, N. A., & Rödder, D. (2020). Alborz Heritage: geographic distribution and genetic differentiation of the Iranian *Paradactylodon* (Amphibia: Hynobiidae). *Amphibia-Reptilia*. <https://doi.org/10.1163/15685381-bja10022>
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403–410.
- Amiri, N., Vaissi, S., Aghamir, F., Saberi-Pirooz, R., Rödder, D., Ebrahimi, E., & Ahmadzadeh, F. (2021). Tracking climate change in the spatial distribution pattern and the phylogeographic structure of

- Hyrceanian wood frog, *Rana pseudodalmatina* (Anura: Ranidae). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 59(7), 1604–1619.
- Astrin, J. J., & Stüben, P. E. (2008). Phylogeny in cryptic weevils: molecules, morphology and new genera of western Palaearctic Cryptorhynchinae (Coleoptera: Curculionidae). *Invertebrate Systematics*, 22(5), 503–522.
- Baselga, A., Orme, D., Villeger, S., De Bortoli, J., Leprieur, F., & Baselga, M. A. (2018). Package 'betapart.' *Partitioning beta diversity into turnover and nestedness components*, version, 1(0).
- Bayranvand, M., Akbarinia, M., Salehi Jouzani, G., Gharechahi, J., & Alberti, G. (2021). Dynamics of humus forms and soil characteristics along a forest altitudinal gradient in Hyrcanian forest. *IForest-Biogeosciences and Forestry*, 14(1), 26.
- Bertheau, C., Salle, A., Rossi, J.-P., Bankhead-Dronnet, S., Pineau, X., Roux-Morabito, G., & Lieutier, F. (2009). Colonisation of native and exotic conifers by indigenous bark beetles (Coleoptera: Scolytinae) in France. *Forest Ecology and Management*, 258(7), 1619–1628.
- Coleman, D. C., & Wall, D. H. (2015). Soil fauna: Occurrence, biodiversity, and roles in ecosystem function. *Soil Microbiology, Ecology and Biochemistry*, 4, 111–149.
- Elmarsdottir, A., Fjellberg, A., Halldorsson, G., Ingimarsdottir, M., Nielsen, O. K., Nygaard, P., & Sigurdsson, B. D. (2008). Effects of afforestation on biodiversity. *AFFORNORD. Effects of Afforestation on Ecosystems, Landscape and Rural Development. TemaNord*, 562, 37–47.
- Fox, J., Friendly, G. G., Graves, S., Heiberger, R., Monette, G., Nilsson, H., Ripley, B., Weisberg, S., Fox, M.J., & Suggests, M.A.S.S. (2007). The car package. *R Foundation for Statistical Computing*. 1109, 1431.
- Haghdoost, N., Akbarinia, M., Hosseini, S. M., & Kooch, Y. (2011). Conversion of Hyrcanian degraded forests to plantations: Effects on soil C and N stocks. *Annals of Biological Research*, 2, 385–399.
- Hargreaves, P. R., Brookes, P. C., Ross, G. J. S., & Poulton, P. R. (2003). Evaluating soil microbial biomass carbon as an indicator of long-term environmental change. *Soil Biology and Biochemistry*, 35(3), 401–407.
- Heděnc, P., Jiménez, J. J., Moradi, J., Domene, X., Hackenberger, D., Barot, S., Frossard, A., Oktaba, L., Filser, J., Kindlmann, P., & Frouz, J. (2022). Global distribution of soil fauna functional groups and their estimated litter consumption across biomes. *Scientific Reports*, 12(1), 17362.
- Hojat, H. (1996). *Insects: A Guide to Collecting and Identification*. Amirkabir Press, Tehran.
- Hosseini, S. M. (2006). Death of Elm trees in the Hyrcanian forests of Iran. *UFRO Working Party 7.03. 10 Proceedings of the Workshop*, 183–186.
- Humphrey, J. W. (2005). Benefits to biodiversity from developing old-growth conditions in British upland spruce plantations: a review and recommendations. *Forestry*, 78(1), 33–53.
- Ishii, H. T., Tanabe, S., & Hiura, T. (2004). Exploring the relationships among canopy structure, stand productivity, and biodiversity of temperate forest ecosystems. *Forest Science*, 50(3), 342–355.
- Islam, K. R., & Weil, R. R. (2000). Land use effects on soil quality in a tropical forest ecosystem of Bangladesh. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 79(1), 9–16.
- Jafari, S. M., Zarre, S., & Alavipanah, S. K. (2013). Woody species diversity and forest structure from lowland to montane forest in Hyrcanian forest ecoregion. *Journal of Mountain Science*, 10(4), 609–620.
- Katoh, K., Rozewicki, J., & Yamada, K. D. (2017). MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics*, 20(4), 1160–1166.
- Korboulewsky, N., Perez, G., & Chauvat, M. (2016). How tree diversity affects soil fauna diversity: a review. *Soil Biology and Biochemistry*, 94, 94–106.
- Lane, R. P., & Crosskey, R. W. (2012). *Medical insects and arachnids*. Springer Science & Business Media.
- Laurance, W. F. (2007). Have we overstated the tropical biodiversity crisis? *Trends in Ecology & Evolution*, 22(2), 65–70.
- Lavelle, P., Bignell, D., Lepage, M., Wolters, V., Roger, P., Ineson, P., & Dhillon, S. (1997). Soil function in a changing world: the role of invertebrate ecosystem engineers. *European Journal of Soil Biology (France)*.
- Lavelle, Patrick, & Lapiéd, E. (2003). Endangered earthworms of Amazonia: an homage to Gilberto Righi: The 7th international symposium on earthworm ecology·Cardiff·Wales·2002. *Pedobiologia*, 47(5–6), 419–427.

- Lavelle, Patrick, Mathieu, J., Spain, A., Brown, G., Fragoso, C., & Lapied, E. (2022). Soil macroinvertebrate communities: A world-wide assessment. *Global Ecology and Biogeography*, 31(7), 1261–1276.
- Lindenmayer, D. B., & Hobbs, R. J. (2004). Fauna conservation in Australian plantation forests--a review. *Biological Conservation*, 119(2), 151–168.
- Liu, J., Coomes, D. A., Gibson, L., Hu, G., Liu, J., Luo, Y., & Yu, M. (2019). Forest fragmentation in China and its effect on biodiversity. *Biological Reviews*, 94(5), 1636–1657.
- Lucas-Borja, M. E., de Santiago, J. H., Yang, Y., Shen, Y., & Candel-Pérez, D. (2019). Nutrient, metal contents and microbiological properties of litter and soil along a tree age gradient in Mediterranean forest ecosystems. *Science of The Total Environment*, 650, 749–758.
- McIntyre, N. E. (2000). Ecology of urban arthropods: a review and a call to action. *Annals of the Entomological Society of America*, 93(4), 825–835.
- Meyer, S., Rusterholz, H.-P., Salamon, J.-A., & Baur, B. (2020). Leaf litter decomposition and litter fauna in urban forests: Effect of the degree of urbanisation and forest size. *Pedobiologia*, 78, 150609.
- Moghimian, N., Habashi, H., & Kooch, Y. (2013). Response of soil mesofauna to different Afforested types in the North of Iran. *Journal of Applied Environmental and Biological Sciences*, 3(4), 34–45.
- Naqinezhad, A., Hamzeh'ee, B., & Attar, F. (2008). Vegetation--environment relationships in the alderwood communities of Caspian lowlands, N. Iran (toward an ecological classification). *Flora-Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants*, 203(7), 567–577.
- Nelson, C. R., & Halpern, C. B. (2005). Edge-related responses of understory plants to aggregated retention harvest in the Pacific Northwest. *Ecological Applications*, 15(1), 196–209.
- Nguyen, L.-T., Schmidt, H. A., Von Haeseler, A., & Minh, B. Q. (2015). IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1), 268–274.
- Folmer, M., Black, W., Hoeh, R., & Lutz, R. V. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294–299.
- Paknia, O., Radchenko, A., Alipanah, H., & Pfeiffer, M. (2008). A preliminary checklist of the ants (Hymenoptera: Formicidae) of Iran. *Myrmecological News*, 11, 151–159.
- Perry, K. I., & Herms, D. A. (2019). Dynamic responses of ground-dwelling invertebrate communities to disturbance in forest ecosystems. *Insects*, 10(3), 61.
- Porter, T. M., & Hajibabaei, M. (2020). Putting COI metabarcoding in context: The utility of exact sequence variants (ESVs) in biodiversity analysis. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8, 248.
- Posada, D., & Crandall, K. A. (1998). Modeltest: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 14(9), 817–818.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, 7(3), 355–364.
- Rousseau, G. X., Silva, P. R. D. S., & de Carvalho, C. J. R. (2010). Earthworms, ants and other arthropods as soil health indicators in traditional and no-fire agro-ecosystems from Eastern Brazilian Amazonia. *Acta Zoológica Mexicana (NS)*, 26(2).
- Saberi-Pirooz, R., Rajabi-Maham, H., Ahmadzadeh, F., Kiabi, B. H., Javidkar, M., & Carretero, M. A. (2021). Pleistocene climate fluctuations as the major driver of genetic diversity and distribution patterns of the Caspian green lizard, *Lacerta strigata* Eichwald, 1831. *Ecology and Evolution*, 11(11), 6927–6940.
- Saberi Pirooz, R., & Ahmadzadeh, F. (2024). Earthworm communities in natural and reforestation areas of the Hyrcanian Forest; a conservation approach. *Environment and Interdisciplinary Development*, 8(82) (in Persian).
- Salehi, A., & Maleki, M. (2012). Evaluation of Soil Physical and Chemical Properties in Poplar Plantations in North of Iran. *Ecologia Balkanica*, 4(2).
- Sambrook, J., & Russell, D. W. (2001). *Molecular cloning: a laboratory manual*. 2001 (p. NY8.18–8.50). p. NY8.18–8.50. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York.
- Shultz, J. W. (2018). A guide to the identification of the terrestrial Isopoda of Maryland, USA (Crustacea). *ZooKeys*, (801), 207.
- Siadati, S., Moradi, H., Attar, F., Etemad, V., Hamzeh'ee, B., & Naqinezhad, A. (2010). Botanical diversity of Hyrcanian forests; a case study of a transect in the Kheyrud protected lowland mountain

- forests in northern Iran. *Phytotaxa*, 7(1), 1–18.
- Song, X. P., Hansen, M. C., Stehman, S. V., Potapov, P. V., Tyukavina, A., Vermote, E. F., & Townshend, J. R. (2018). Global land change from 1982 to 2016. *Nature*, 560(7720), 639–643.
- Smith, M. A., Fisher, B. L., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding for effective biodiversity assessment of a hyperdiverse arthropod group: the ants of Madagascar. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1825–1834.
- Sylvain, Z. A., & Buddle, C. M. (2010). Effects of forest stand type on oribatid mite (Acari: Oribatida) assemblages in a southwestern Quebec forest. *Pedobiologia*, 53(5), 321–325.
- Tajik, S., Ayoubi, S., Khajehali, J., & Shataee, S. (2019). Effects of tree species composition on soil properties and invertebrates in a deciduous forest. *Arabian Journal of Geosciences*, 12, 1–11.
- Talebi, K. S., Sajedi, T., & Pourhashemi, M. (2013). *Forests of Iran: A Treasure from the Past, a Hope for the Future* (Vol. 10). Springer Science & Business Media.
- Tirgari, S. (1979). Distribution frequency and identification key of Odonata Order in Iran. *Publication of Iran Entomologists Society*, 5, 49–54.
- Tohidifar, M., Moser, M., Zehzad, B., & Ghadirian, T. (2016). *Biodiversity of the Hyrcanian Forests: A synthesis report*. Retrieved from UNDP/GEF/FRWO Caspian Hyrcanian Forest Project. Iran, 41 pp.
- Turbé, A., De Toni, A., Benito, P., Lavelle, P., Lavelle, P., Camacho, N. R., & Mudgal, S. (2010). *Soil biodiversity: functions, threats and tools for policy makers*. (Report for European Commission (DG Environment); Bio Intelligence Service, IRD, and NIOO: Paris, France, 2010.).
- Türkay, M. (2001). Decapoda. *Collection Patrimoines Naturels*, 50, 284–292.
- Vasconcellos, R. L. F., Segat, J. C., Bonfim, J. A., Baretta, D., & Cardoso, E. J. B. N. (2013). Soil macrofauna as an indicator of soil quality in an undisturbed riparian forest and recovering sites of different ages. *European Journal of Soil Biology*, 58, 105–112.
- Watt, A. D., Stork, N. E., & Bolton, B. (2002). The diversity and abundance of ants in relation to forest disturbance and plantation establishment in southern Cameroon. *Journal of Applied Ecology*, 39(1), 18–30.
- Wilson, E. O., & others. (1988). The current state of biological diversity. *Biodiversity*, 521(1), 3–18.
- Wolters, V. (2000). Invertebrate control of soil organic matter stability. *Biology and Fertility of Soils*, 31(1), 1–19.
- Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P., & Stamatakis, A. (2013). A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22), 2869–2876.