

## Research Article

Vol. 38, No. 4, 2025, p. 309-325



## Time Series Analysis of Pear Psylla Population Dynamics, *Cacopsylla pyri* (Hemiptera: Psyllidae), using ARIMA Model on Nine Different Pear *Pyrus Communis* L. Cultivars

M. Latifian<sup>1\*</sup>, H. Abdollahi<sup>2</sup>

1- Agricultural Research, Education and Extension Organization, Horticultural Sciences Research Institute, Temperate Fruits Research Center, Karaj, Iran.

2- Agricultural Research, Education and Extension Organization, Horticultural Sciences Research Institute, Temperate Fruits Research Center, Karaj, Iran.

(\*- Corresponding author's Email: masoud\_latifian@yahoo.com)

**How to cite this article:**

Received: 27-12-2024

Revised: 20-08-2024

Accepted: 21-05-2024

Available Online: 03-03-2025

Latifian, M., & Abdollahi, H. (2025). Time series analysis of pear psylla population dynamics, *Cacopsylla pyri* (Hemiptera: Psyllidae), using ARIMA model on nine different pear *Pyrus Communis* cultivars. *Iranian Plant Protection Research*, 38(4), 309-325. (In Persian with English abstract)

<https://doi.org/10.22067/jpp.2024.86109.1171>

### Introduction

Psylla is a key pest in important pear (*Pyrus Communis*) -growing areas in Iran. Detection of population fluctuations in ecological models can be traced with time series data. Population dynamics are the result of changes in the population size that ascend from the random and independent contribution of births, deaths, and migrations of population individual members. Population dynamics can be simulated by considering the role of each individual in a time unit as an independent and separate random variable. Mathematical models of resource-consumer relationships can be helpful in understanding miscellaneous patterns of population dynamics, leading to a set of population behavioral patterns under the influence of food resources. This research was conducted on the population dynamics of eggs, nymphs, and adults of pear psylla *Cacopsylla pyri* L. under feeding conditions from nine pear cultivars in field conditions. Psylla is a key pest of pears and is distributed worldwide. In the climatic conditions of regions like Iran, where spring and summer are dry and rainfall is rare, the indirect damage of honeydew secretions is more than the damage from sucking plant sap.

### Material and Methods

The time series of the population of each growth stage of pear Psylla is a group of observations obtained by regular variable sampling of the eggs, nymphs, and adult Psylla population in a period of four years (2020-2023). The integrated autocorrelated moving average (ARIMA) model was used to forecast the future pear psylla population on nine pear cultivars. ARIMA model suitability criteria and information criterion Bayesian normalized (BIC) were calculated. The plots of residual autocorrelations and partial autocorrelations that show



©2024 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

<https://doi.org/10.22067/jpp.2024.86109.1171>

the degree of correlation of the residuals of the model were premeditated in the actual forecast. A cross-correlation model was used to replicate the population model of each developmental stage against the population route of another developmental stage.

## Results and Discussion

The fitted models were significant at the 0.01% level for the populations of pear *Psylla* on nine cultivars. The ARIMA time series model showed good capacity in forecasting the population of egg, nymph and Adult. Differences among the fit indices of the model were observed in all three developmental stages. The mobility of the growth stage has been one of the most important reasons for these differences. Because with the increase in mobility, the accuracy of sampling usually decreases and population sampling becomes more difficult. The type of host cultivar has also been effective in determining the predictive power of the model. The values of residual autocorrelations and partial autocorrelations in most growth stages and different pear cultivars were smaller than 0.5 in absolute terms, and this indicates that the remaining effective data was not included in the fitting of the time series model in the minimum amount. A sinusoidal trend occurs in the curve of pears *Psylla* population density fluctuations. The trend of changes in observations was the same as predicted by the model. In some stages such as adult and in cultivars such as Shah Miveh where the population densities were higher than normal, the sinusoidal trend was not observed in the population forecast by the model. The relationship between the population of alternating developmental stages has been direct and increasing and inverse and decreasing at different periods of seasons. These changes were caused by the difference in the pear cultivars quality for pear *psylla* growth stages. The average absolute value of the cross-correlation varied between 0.3 and 0.4, which indicates the average detection power of each developmental stage compared to the subsequent developmental stage. The maximum detection power in different cultivars was related to the transition of the population from the nymph stage to the adult. In pear cultivars with higher population density, which most of the times had a population above the normal limit, such as Shah Miveh and Dargezi cultivars, the model recognized ability was less, and instead, in cultivars with subnormal population density, such as Boheme and Harvest Queen, the model recognized ability was lower. In cultivars that have less population carrying capacity, births, and mortality reach the equilibrium point earlier than other cultivars. In natural environments, the measurement of living spaces has different dimensions, including nutrition quality.

## Conclusion


Flexibility of the models in describing different annual phenological behaviors of various growth stages of the pear *psylla* and the possibility of self-calibrating the models with the help of autocorrelation and cross-correlation models make this approach a valuable tool for monitoring the population of this insect.

**Keywords:** Autocorrelation, Cross-correlation, Forecast, Population analysis, Time series

مقاله پژوهشی

جلد ۳۸ شماره ۴، زمستان ۱۴۰۳، ص. ۳۰۹-۳۲۵

## تحلیل سری زمانی پویایی جمعیت پسیل گلابی، (*Cacopsylla pyri* (Hemiptera: Psyllidae)، با استفاده از مدل ARIMA روی نه رقم مختلف گلابی *Pyrus Communis*

مسعود لطیفیان<sup>۱</sup> \* - حمید عبداللهی<sup>۲</sup> 

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱۰/۰۷

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۳/۰۵/۳۰

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۵/۳۱

### چکیده

پسیل یک آفت کلیدی در مناطق مهم کشت گلابی *Pyrus Communis* در ایران است. در این پژوهش، مدل‌های سری زمانی ارتباط بین منبع (نه رقم گلابی) - مصرف‌کننده (مراحل مختلف رشدی پسیل گلابی) برای تحلیل پویایی جمعیت بررسی شدند. سری‌های زمانی جمعیت هر مرحله رشدی پسیل گلابی مجموعه‌ای از مشاهدات است که با نمونه‌برداری منظم متغیر جمعیت تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی در دوره زمانی چهار ساله (۱۳۹۹-۱۴۰۲) به دست آمده است. مدل میانگین متحرک خودهمبسته یکپارچه (ARIMA) در سری‌های زمانی برای پیش‌بینی آینده جمعیت هر یک از مراحل رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی روی نه رقم گلابی به کار برده شد. نتایج نشان داد که میانگین تفاوت بین تراکم جمعیت پیش-بینی شده توسط مدل و مشاهده شده در سه مرحله رشدی، معادل ۳۶/۸۸ حشره-روز بود. میانگین درصد مطلق خطا برای هر سه مرحله رشدی به‌طور متوسط ماهانه معادل ۲/۳۷ حشره-روز بود. حداقل این شاخص، معادل ۲۹/۱۲ حشره-روز (۰/۷ ماهانه) در مرحله حشره کامل در رقم پوتوماک و حداکثر آن معادل ۵۲۲/۵۳ حشره-روز (۱۰/۹ ماهانه) در مرحله پوره در رقم نطنزی بود. مقادیر خودهمبستگی‌های باقی‌مانده و خودهمبستگی‌های جزئی در اکثر مراحل رشدی و ارقام مختلف به‌صورت مطلق از ۰/۵ کوچک‌تر بود. در منحنی تغییرات تراکم جمعیت همه مراحل رشدی پسیل گلابی، یک روند سینوسی اتفاق می‌افتاد. روند تغییرات در مشاهدات با پیش‌بینی مدل یکسان بود. میانگین قدرمطلق ضریب تقاطعی در حدود ۰/۳ تا ۰/۴ متغیر بوده که نشان‌دهنده قدرت تشخیص هر مرحله رشدی نسبت به مرحله رشدی بعد از آن بوده است. حداکثر قدرت تشخیص در ارقام مختلف مربوط به انتقال جمعیت از مرحله پوره به حشره کامل بود. انعطاف‌پذیری مدل‌ها در جمعیت پسیل گلابی و امکان خود کالیبره کردن آن‌ها، این رویکرد را به ابزاری ارزشمند برای نظارت بر جمعیت این حشره تبدیل می‌کند.

واژه‌های کلیدی: پیش‌بینی، تحلیل جمعیت، خودهمبستگی، سری زمانی، میان‌همبستگی

### مقدمه

پسیل یک آفت کلیدی گلابی *Pyrus Communis* است که در

سراسر جهان پراکنش دارد (Pasqualini et al., 2006). در شرایط آب‌وهوایی مناطقی مانند ایران با بهار و تابستان خشک و میزان بارندگی کم، آسیب غیرمستقیم ناشی از ترشحات یا عسلک آفت بیشتر از آسیب و زیان تغذیه و مکیدن شیره نباتی است (Behdad, 1991). تخم‌گذاری حشرات کامل پسیل گلابی در ماه‌های اسفند تا فروردین ماه زمانی که دما به حدود ۱۰ درجه سانتی‌گراد می‌رسد، شروع می‌شود. از این تخم‌ها، نسل اول از فروردین تا اردیبهشت ماه متولد می‌شوند. این دوره طولانی تخم‌گذاری، توزیع سنی گسترده‌ای از پسیل‌ها را در مراحل رشدی مختلف در طول فصل ایجاد می‌کند.

۱- سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مؤسسه تحقیقات علوم باغبانی، پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری، کرج، ایران.

۲- سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مؤسسه تحقیقات علوم باغبانی، پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری، کرج، ایران.

(\* - نویسنده مسئول: Email: masoud\_latifian@yahoo.com)

<https://doi.org/10.22067/jpp.2024.86109.1171>

برای کاربرد مدل‌های سری زمانی در پیش‌بینی و ردیابی پویایی جمعیت باید داده‌های زمانی تراکم جمعیت را به‌صورت یک الگوی آماری تصادفی در نظر گرفت. بهره‌گیری از نظریه غیرخطی در مدل‌سازی نوسانات جمعیتی حشرات، یک چالش بزرگ است، زیرا در ظاهر الگوهای جمعیت حشرات تصادفی است، اما در واقع، از الگوها و قوانین قطعی پیروی می‌کنند که به‌شدت به شرایط اولیه بوم‌نظام حساسند. فقدان داده‌های جمعیتی چندساله از مهم‌ترین عوامل ایجاد این چالش است (Clark & Luis, 2020).

«پویایی جمعیت» حاصل تغییر در اندازه جمعیت است که از مشارکت تصادفی و مستقل تولدها، مرگ‌ها و مهاجرت‌های تک تک اعضای جمعیت به‌وجود می‌آید. پویایی جمعیت را می‌توان با در نظر گرفتن سهم هر فرد جمعیت در واحد زمان به‌عنوان یک متغیر تصادفی مستقل و گسسته شبیه‌سازی نمود. تغییرات تراکم جمعیتی در مدل‌های سری زمانی به‌صورت متغیری با توزیع احتمال تصادفی در واحد زمان تعریف می‌شوند (Didham et al., 2020). هنگام بررسی داده‌های سری زمانی برای تراکم جمعیت آفت، لازم است که خودهمبستگی‌های هر سری از داده‌های زمانی محاسبه شود، زیرا شرط مستقل و نرمال بودن باقی‌مانده‌ها را نمی‌توان با انجام یک تحلیل رگرسیون معمولی حفظ کرد (Yeh et al., 2023). بنابراین، در تحلیل‌های سری زمانی پویایی جمعیت حشرات، ضرورت دارد که با استفاده از یک مدل خودهمبستگی، مانند مدل میانگین متحرک خودهمبستگی یکپارچه (Autoregressive Integrated = ARIMA Moving Average)، پویایی جمعیت را بررسی کرد. تا به امروز، داده‌های سری زمانی فراوانی برخی حشرات، مانند *Tessaratoma papillosa* Drury با استفاده از روش ARIMA مدل‌سازی شده‌اند (Boopathi et al., 2015).

اثرات متقابل حلقه‌های زنجیره غذایی و برهم‌کنش‌های تغذیه‌ای میان آن‌ها بر پویایی جمعیت گونه‌های فعال در شبکه‌های غذایی تأثیر دارد. تغییر مکرر منبع تغذیه‌ای در حلقه‌های گیاه‌خواران (حشرات آفت) و گوشت‌خواران (شکارگرها و پارازیتوئیدها) برای افزایش میزان بقاء، به‌معنای افزایش ثبات الگوی پویایی جمعیت‌های فعال در بوم‌نظام نیست. چنین حالتی در شرایطی به‌وقوع می‌پیوندد که رشد جمعیت افراد مصرف‌کننده (گیاه‌خوار یا گوشت‌خوار) که سهم کمی در تولیدمثل و تشکیل نسل بعدی دارند (مانند جمعیت نرها)، در اثر کاهش دسترس بودن غذا محدود نمی‌شود. نبود محدودیت تغذیه‌ای کشنده برای رشد لزوماً باعث ثبات یا کاهش تغییرات پویا در جمعیت نیست. برهم‌کنش‌های واسطه‌ای رفتاری (مانند رقابت یا شکارگری) و اثرات غیرمستقیم آن‌ها در زنجیره‌های غذایی نیز می‌تواند بر پویایی جمعیت گونه‌های فعال در بوم‌نظام تأثیرگذار باشند (Kawatsu et al., 2021). علاوه‌براین، انواع زیادی از عوامل بوم‌شناختی بین گونه‌ای مانند تنوع زیستی و غیرزیستی (فیزیکی و شیمیایی) غیر از روابط

نسل دوم پس‌یل، بین اردیبهشت و خرداد، نسل سوم، بین پایان خرداد و تیر، نسل چهارم در اوج تابستان (مرداد) و در برخی از شرایط اقلیمی مساعد، نسل پنجم بین اواخر تابستان و اوایل پاییز فعال است (Sanchez & Ortín-Angulo, 2012). در طول تابستان، تداخل نسل‌ها وجود دارد و تحت شرایط خاص پس‌یل گلابی می‌تواند شش تا هفت نسل در سال داشته باشد (Schaub et al., 2005).

مدل‌سازی الگوهای تغییرات فصلی فعالیت حشرات به درک پویایی جمعیت آن‌ها کمک می‌کند. همچنین می‌توان با پیش‌بینی دقیق تغییرات جمعیت حشرات به کمک مدل‌سازی، به تدوین شیوه‌های ردیابی جمعیت در مدیریت تلفیقی آفات کمک کرد (Dennis et al., 2021). مدل‌های رگرسیون خطی و غیرخطی مانند مدل‌های درجه-روز برای پیش‌بینی چگونگی تغییرات جمعیت حشرات در بسیاری از سامانه‌های مدیریت تلفیقی آفات استفاده شده‌اند. به‌عنوان مثال، سه مدل مختلف (درجه-روز، لجستیک و وانگ) برای پیش‌آگاهی تغییرات جمعیت شب‌پره پشت الماسی *Plutella xylostella* L. از مرحله تخم تا حشره کامل استفاده شده‌است (Liu et al., 2002). همچنین در مطالعه‌ای، دو نوع تابع غیرخطی برای مدل‌سازی تغییرات جمعیت حشرات کامل گونه‌های بال‌پولکداران آفت در باغ‌های زردآلو *Prunus armeniaca* L. استفاده شده است (Damos & Savopoulou-Soultani, 2010). توجیه علل نوسان تراکم جمعیت حشرات توسط توابع غیرخطی در چرخه‌های تناوبی پایدار و ناپایدار در اثر عوامل زیستی و غیرزیستی فعال در بوم‌نظام امکان‌پذیر است. امروزه به‌دلیل توسعه روش‌های آماری و رویکردهای مدل‌سازی تصادفی پویایی جمعیت، کاربردهای مدل‌سازی غیرخطی در بوم‌شناسی حشرات با موفقیت‌های چشم‌گیری مواجه شده است (Dixon et al., 1999; Henson et al., 1999).

طرفداران نظریه پویایی غیرخطی جمعیت یا الگوی آشفستگی ادعا می‌کنند که رفتار جمعیت‌ها به‌صورت غیرخطی است. تغییرات جمعیت، ناشی از عوامل بسیار زیادی است که در هر لحظه از زمان بر آن تأثیر می‌گذارد. آن‌ها در واقع معتقدند که به تعداد افراد جمعیت، عامل تأثیرگذار بر پویایی جمعیت وجود دارد. یکی از جنبه‌های کاربردی نظریه پویایی غیرخطی جمعیت، توانایی آن در پیش‌بینی رفتار جمعیت حشرات است. عوامل بوم‌شناختی خاص و ضعیف گاهی می‌توانند باعث نوسانات تصادفی و غیر قابل پیش‌بینی در فراوانی جمعیت شوند. تشخیص این تغییرات غیرقابل پیش‌بینی در مدل‌های بوم-شناختی با مشاهده موارد غیرمعمول در داده‌های سری زمانی جمعیت قابل ردیابی می‌شود (Heath, 2014). مدل‌های غیرخطی جمعیتی، توانایی پیش‌بینی تغییرات بلندمدت فراوانی جمعیت را نیز دارند. به‌عنوان مثال، از مدل لجستیکی می‌توان برای پیش‌بینی تغییرات پویایی جمعیت حشرات از زمان ظهور تا رسیدن به حد ظرفیت محیطی در طی فصل استفاده کرد (Stankevych et al., 2020).

در طی دوره فعالیت آن یعنی در اوایل فرورین تا آبان به فاصله هر هفت روز یکبار انجام شد. از هر رقم، چهار درخت انتخاب درخت نیز چهار شاخه در جهت‌های مختلف به‌طور تصادفی انتخاب شده و با سه مرتبه ضربه‌زنی به هر شاخه، حشرات کامل در کیف شنایدر جمع‌آوری شد. پوره‌ها و تخم‌ها نیز با نمونه‌برداری از ۱۰ برگ به‌صورت تصادفی شمارش شدند. برای برآورد جمعیت مؤثر هر یک از مراحل رشدی تخم، پوره و حشره کامل به‌ترتیب از شاخص جمعیت-روز مؤثر (Effective Population Day=EPD) استفاده شد که با استفاده از معادله ۱ محاسبه گردیدند (Machlitt, 1998). که در آن،  $P_t$  و  $P_{t+1}$ : به‌ترتیب تراکم جمعیت هر مرحله رشدی در نمونه‌برداری  $t$  و  $t+1$  است. متوسط ماهانه جمعیت مؤثر مراحل مختلف رشد نیز محاسبه شد.

$$EPD = \frac{(P_t + P_{t+1})}{2} \times 7 \quad (1)$$

### توصیف سری زمانی جمعیت مراحل مختلف رشدی پسیل

#### گلابی

سری زمانی جمعیت هر مرحله رشدی پسیل گلابی، مجموعه‌ای از مشاهدات است که با نمونه‌برداری منظم متغیر جمعیت تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی در دوره زمانی چهار ساله (۱۳۹۹-۱۴۰۲) به‌دست آمده است. بنابراین، داده‌های یک سری زمانی جمعیتی، یک دنباله از مشاهدات تراکم جمعیت است که در فواصل زمانی منظم نمونه‌برداری شده است. در این پژوهش، فاصله زمانی نمونه‌برداری هفت روز بوده و برای تشکیل هر سری زمانی، میانگین ماهانه تراکم جمعیت روز مؤثر مراحل رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی محاسبه شد.

#### مدل‌سازی سری زمانی ARIMA

مدل میانگین متحرک خودهمبسته یکپارچه (ARIMA) در سری‌های زمانی برای پیش‌بینی آینده جمعیت هر یک از مراحل رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی روی نه رقم گلابی به‌کار برده شد. این مدل به‌صورت  $ARIMA(q, d, p)$  نشان داده می‌شود که در آن،  $p$  و  $d$  و  $q$ : اعداد حقیقی غیرمنفی هستند که درجه خودهمبستگی، یکپارچگی و میانگین متحرک تغییرات فصلی جمعیت‌ها را مشخص می‌کنند. مدل خودهمبسته میانگین متحرک تشکیل شده از یک مقدار ثابت، یک ضریب از مقادیر قبلی داده‌ها، یک ضریب از خطاهای قبلی و یک نویز که به‌صورت معادله ۲ نمایش داده می‌شود.

$$Y_t = C + \sum_{i=1}^p \varphi_i Y_{t-i} + \sum_{i=1}^q \theta_i E_{t-i} + \varepsilon_t \quad (2)$$

که در آن،  $C$ : مقدار ثابت،  $\varphi_i$ : ضریبی از مقادیر قبل،  $\theta_i$ : ضریبی از خطاهای قبل و  $\varepsilon_t$ : مقدار نویز بوده و تعیین اندازه آن اختیاری است.

تغذیه وجود دارد که به‌طور بالقوه می‌تواند نقش منابع تغذیه‌ای را در تغییرات پویایی جمعیت کاهش دهند. یکی از فرضیه‌های اصلی بوم-شناسی این است که گونه‌های منبع تغذیه و مصرف‌کننده بر پویایی جمعیت یکدیگر تأثیر می‌گذارند (Moore et al., 2017). بررسی پویایی جمعیت تحت تأثیر تغییرات فراوانی منبع تغذیه، اساس شناخت ارتباط ساختاری جمعیت با فرآیندهای موجود در زیست‌بوم آن است (Hines et al., 2015).

مدل‌های ریاضی ارتباط بین منبع-مصرف‌کننده می‌توانند الگوهای متنوعی از پویایی جمعیت را ارائه کنند که منجر به شناخت مجموعه‌ای از پودمان‌های رفتاری جمعیت مصرف‌کنندگان تحت تأثیر تغییرات منابع تغذیه‌ای می‌شود (K'efi et al., 2016). برای ارزیابی اثرات تغذیه بر پویایی جمعیت‌های طبیعی مصرف‌کننده، دو عامل منبع و مصرف‌کننده باید به‌طور همزمان و به‌صورت کمی بررسی و مطالعه شوند. در این نوع مطالعات، اغلب از مقایسه همبستگی بین تراکم جمعیت مصرف‌کننده با منابع تغذیه‌ای مختلف استفاده می‌شود. باین‌حال، صحت و دقت چنین رویکرد آماری خطی با توجه به ماهیت غیرخطی پویایی‌های جمعیت مورد تردید است. یک روش جایگزین برای تخمین تغییرات پویایی جمعیت مصرف‌کننده (گیاه‌خوار یا گوشت‌خوار) تحت تأثیر منابع تغذیه‌ای مختلف، استفاده از مدل‌سازی سری زمانی در دامنه‌های زمانی پیوسته فعالیت مصرف‌کننده است (Blanchet et al., 2020; Hirano & Takemoto, 2019).

نتایج حاصل از یافته‌های پژوهشگران در زمینه مطالعه ارتباطات و اثرات متقابل جمعیت گونه‌های فعال در حلقه‌های زنجیره غذایی مختلف شبکه غذایی، این سؤال را مطرح می‌کنند که تغییرات منبع تغذیه‌ای چقدر در تغییرات پویایی جمعیت حلقه‌های بعدی زنجیره غذایی مهم هستند؟ و تا چه حد، تغییرات جمعیت گونه‌های مصرف‌کننده را می‌توان به تغییرات گونه‌های منبع تغذیه‌ای نسبت داد؟ این پژوهش برای پاسخ به این سؤال روی پویایی جمعیت مراحل مختلف رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی، *Cacopsylla pyri* L. به‌عنوان مصرف‌کننده در شرایط تغذیه از نه رقم گلابی به‌عنوان منبع تغذیه آن در شرایط صحرایی انجام گرفت.

### مواد و روش‌ها

#### نمونه‌برداری پسیل گلابی

مطالعه حاضر طی سال‌های ۱۳۹۹ تا ۱۴۰۲ در باغ کلکسیون ذخایر توارثی پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری در کمالشهر کرج انجام شد. برای انجام این پروژه از نه رقم گلابی به‌نام‌های بوهمه، شاه میوه، نطنزی، سبری، درگزی، بیروتی (لوتیزبون)، هاروست کوئین، پوتوماک و کوشیا استفاده شد. جمع‌آوری داده‌های جمعیت مراحل مختلف رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی

شده به زمان‌های بعدی خود است. خودهمبستگی یک فرآیند تصادفی، همبستگی مقادیر جمعیت در زمان‌های مختلف را به‌عنوان تابعی دو متغیره (زمان و انتقال زمانی)، یا تابعی تک‌متغیره (انتقال زمانی) توصیف می‌کند. اگر EPD (وقوع تراکم جمعیت هر مرحله رشدی) فرآیندی تکرارپذیر باشد، آنگاه  $i$  نقطه‌ای از زمان بعد از آغاز فرآیند است، بنابراین EPDi تراکم جمعیت هر مرحله رشدی پس‌پس‌گلابی در زمان  $i$  است. فرض کنیم که جمعیت هر مرحله رشدی، با میانگین  $\mu_i$  و واریانس  $\sigma_i^2$  برای همه زمان‌های نمونه‌برداری در طی دوره انجام مطالعه  $i$  تعریف شده باشد. خودهمبستگی جمعیت هر مرحله رشدی در دو زمان  $s$  و  $t$  با استفاده از معادله ۳ قابل محاسبه است. که در آن،  $E$ : عملگر امید ریاضی است (Soukhovolsky et al., 2023).

$$R(s, t) = \frac{E[(EPD_t - \mu_t)(EPD_s - \mu_s)]}{\sigma_t \sigma_s} \quad (3)$$

#### میان‌همبستگی (cross-correlation)

در پردازش سری زمانی، «اندازه شباهت» برای دو سری زمانی مراحل مختلف رشدی پس‌پس‌گلابی (تخم با پوره، تخم با حشره کامل، پوره با حشره کامل)، به‌عنوان تابعی از «تراکم جمعیت» یکی نسبت به دیگری است  $T$  با فرض اینکه روند تغییرات فراوانی واقعی یک مرحله رشدی تحت تأثیر فرآیند تغییرات فراوانی مرحله رشدی دیگر باشد. شاخص میان‌همبستگی برای همانندسازی مدل جمعیت هر مرحله رشدی در مقابل مسیر جمعیتی مرحله رشدی دیگر استفاده شد. تغییرات جمعیت یک مرحله ممکن است مستقل باشد یا در زمان‌های مختلف در طی فصل با مراحل رشدی دیگر ارتباط داشته باشد. حتی اگر تغییرات جمعیت‌های مراحل مختلف رشدی متفاوت باشد، با ماتریس واریانس-کوواریانس مدل‌سازی شده و شاخص میان‌همبستگی متقاطع نرخ رشد جمعیت مراحل مختلف در طی زمان بر مبنای جمعیت مرحله رشدی دیگر قابل ارزیابی بود. اگر EPDm و EPDn دو متغیر مستقل نشان‌دهنده تراکم جمعیت مراحل رشدی  $m$  و  $n$  باشند که توابع چگالی احتمال وقوع آن‌ها به ترتیب  $g$  و  $f$  باشد، آن وقت احتمال تفرق EPDn-EPDm به صورت میان-همبستگی  $f \times g$  معرفی می‌شود. در این صورت، تابع احتمال وقوع تراکم جمعیت مرحله  $n$  در صورت وقوع تراکم جمعیت مرحله رشدی  $m$  به صورت تابع  $4$  برآورد می‌شود (Damos, 2016). کلیه تحلیل‌های آماری به کمک نرم‌افزار IBM SPSS Statistics 27.0.1.0 انجام شد.

$$(f \times g)[n] \triangleq \sum_{m=-\infty}^{\infty} \overline{f[m]} g[m+n] \quad (4)$$

$p$  و  $q$ : به ترتیب تعدادی از مقادیر و خطاهای نمونه‌برداری قبلی هستند. طبق تعریف دیگر،  $p$ : درجه چندجمله‌ای اتورگرسیو پولی‌نومیل (AR) و  $q$ : چندجمله‌ای میانگین حرکتی (MA) است. در این پژوهش از شکل مدل آریمای فصلی  $(P, D, Q) \times (p, d, q)$  استفاده شد که در آن،  $P$  و  $Q$ : به ترتیب پارامترهای اتورگرسیو و میانگین متحرک فصلی است. دو پارامتر  $D$  و  $d$ : پارامترهای تفاضلی نمونه‌برداری‌های متوالی برای ایستا کردن سری زمانی هر مرحله رشدی پس‌پس‌گلابی است (Palma et al., 2023).

#### شاخص‌های آماری و پلات‌های مدل ARIMA

معیارهای مناسب بودن مدل ARIMA عبارتند از ثابت مربع  $t$ - $R$ ، مربع  $R$  ( $R^2$ ) (نشان می‌دهند که چه مقدار از تغییرات جمعیت مراحل رشدی تخم، پوره و حشرات کامل وابسته به متغیر مستقل زمان در مدل ARIMA برازش داده می‌شود)، ریشه میانگین مربعات خطا (RMSE) (تفاوت میان مقدار تراکم جمعیت پیش‌بینی شده توسط مدل ARIMA و مقدار واقعی در نمونه‌برداری آن مرحله رشدی است)، میانگین خطای مطلق (MAE) (میانگین تفاوت بین مقدار جمعیت واقعی و مقدار پیش‌بینی شده توسط مدل ARIMA بر روی تمام نمونه‌برداری‌ها است)، میانگین درصد مطلق خطا (MAPE) (میانگین درصد مطلق خطا، میانگین درصد مطلق خطاهای پیش‌بینی شده است. درصد خطاها بدون توجه به علامت جمع می‌شوند)، حداکثر خطای مطلق (MaxMAE) (حداکثر مقدار MAE در طی کل دوره نمونه‌برداری)، حداکثر درصد میانگین درصد خطای مطلق (MaxMAPE) (حداکثر مقدار MAPE در طی کل دوره نمونه‌برداری) و معیار اطلاعات بیزی نرمال شده (BIC)، میزان داده‌های از دست رفته توسط مدل را مشخص می‌کند. معیار Bayesian (Information Criterion) بر مبنای تابع درست‌نمایی محاسبه شده و ارتباط نزدیکی با «معیار ارزیابی آیکاکه» (AIC) دارد (Nelson, 1998).

نمودارهای خودهمبستگی باقی‌مانده (Residual ACF) و خودهمبستگی جزئی (Residual PACF) میزان همبستگی باقی مانده‌های مدل را در پیش‌بینی جمعیت مراحل مختلف رشدی پس‌پس‌گلابی نشان می‌دهند. همچنین، نتایج مدل‌سازی مراحل مختلف رشدی پس‌پس‌گلابی، شامل مقادیر پیش‌بینی شده توسط مدل ARIMA و مقادیر مشاهده شده طی فرآیند نمونه‌برداری، در یک نمودار ارائه شده است (Dimri et al., 2020).

خودهمبستگی (Autocorrelation)، همبستگی متقابل داده‌های هر سری زمانی از مراحل رشدی تخم، پوره یا حشره کامل پس‌پس‌گلابی با خودش را نشان می‌دهد. خودهمبستگی، همسانی داده‌های جمعیت هر مرحله نمونه‌برداری در هر زمان با جمعیت نمونه منتقل

نتایج و بحث

مدل‌های سری زمانی (ARIMA) پیش‌بینی جمعیت مراحل رشدی پسیل گلابی

بهترین مدل‌های برازش شده برای جمعیت‌های تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی روی نه رقم گلابی در جدول ۱ نشان داده شده است. همان‌طور که در جدول مشاهده می‌شود، مقدار P-value همه مدل‌ها در سطح ۰/۰۱ درصد معنی‌دار بودند.

براساس شاخص‌های ثابت مربع  $t-R$ ، مربع  $R$  به‌طور متوسط پنج درصد از تغییرات جمعیت سه مرحله رشدی وابسته به زمان است. حداکثر مقدار در مرحله رشدی تخم در رقم درگزی و معادل هشت درصد و حداقل آن مربوط به مرحله رشدی حشره کامل در رقم شاه میوه معادل صفر درصد بوده است. مقدار این شاخص در ارقام مختلف نیز تفاوت نشان می‌دهد، به‌طوری‌که بیشترین و کمترین میانگین شاخص در سه مرحله رشدی به‌ترتیب در رقم‌های درگزی و شاه میوه و معادل هفت و دو درصد بود. شاخص ریشه میانگین مربعات خطا (RMSE) که نشان‌دهنده تفاوت میان مقدار تراکم جمعیت پیش‌بینی

شده توسط مدل ARIMA و مقدار واقعی در نمونه‌برداری آن مرحله رشدی می‌باشد نیز در ارقام و مراحل مختلف رشدی متفاوت بود. میانگین تفاوت بین تراکم جمعیت پیش‌بینی شده توسط مدل و مشاهده شده در نمونه‌برداری هر سه مرحله رشدی معادل ۳۶/۸۸ حشره-روز بود. بیشترین و کمترین تفاوت مشاهده شده به‌ترتیب در مرحله رشدی پوره در رقم شاه‌میوه و حشره کامل در رقم درگزی و معادل ۱۲۱/۱۴ و ۵/۷۷ حشره-روز بود. مجموع میانگین تفاوت مشاهده برای هر سه مرحله رشدی در ارقام مختلف نیز تفاوت نشان داد، به‌طوری‌که بالاترین و پایین‌ترین میانگین تفاوت‌ها به‌ترتیب در رقم شاه‌میوه و درگزی و معادل ۶۱/۵۳ و ۲۶/۸۷ حشره-روز بود. میانگین درصد مطلق خطا (MAPE) که براساس میانگین درصد مطلق خطا بوده و برای محاسبه آن درصد خطاها بدون توجه به علامت جمع شده‌اند. متوسط ماهانه معادل ۲/۳۷ درصد بوده است که از نظر آماری برای موارد تحقیقاتی و اجرایی قابل قبول است. حداقل این شاخص معادل ۲۹/۱۲ (۰/۷ درصد ماهانه) در مرحله حشره کامل در رقم پوتوماک و حداکثر آن معادل ۵۲۲/۵۳ (۱۰/۹ درصد ماهانه) در مرحله پوره در رقم نطنزی بود.

جدول ۱- برازش مدل‌های سری زمانی مراحل مختلف رشدی پسیل گلابی روی نه رقم گلابی

Table 1- Fitting time series models of different developmental stages of pear psyllid on nine pear cultivars

Pear cultivars	Model	t-R	R	RMSE	MAPE	MAE	MaxAPE	MaxAE	N- BIC	Sig.
Bohemeh	Egg	0.06	0.06	25.44	55.34	21.38	234.15	47.66	6.72	0.00
	Nymph	0.06	0.06	32.82	40.16	27.16	107.61	56.71	7.22	0.00
	Adult	0.06	0.06	27.07	52.42	22.81	232.63	52.09	6.84	0.00
Louis Bonne	Egg	0.06	0.06	32.82	40.16	27.16	107.61	56.71	7.22	0.00
	Nymph	0.07	0.07	79.34	222.72	46.17	2459.11	373.33	8.99	0.00
	Adult	0.04	0.04	10.70	36.54	9.18	56.27	17.79	4.98	0.00
Potomac	Egg	0.06	0.06	27.07	52.42	22.81	232.63	52.09	6.84	0.00
	Nymph	0.07	0.07	64.02	262.43	39.67	2998.71	294.77	8.56	0.00
	Adult	0.06	0.06	6.94	29.12	5.33	67.62	19.75	4.12	0.00
Darghazi	Egg	0.08	0.08	17.38	60.23	14.18	341.73	32.05	5.95	0.00
	Nymph	0.07	0.07	57.46	399.71	32.75	4785.98	276.55	8.34	0.00
	Adult	0.05	0.05	5.77	50.13	4.52	188.50	16.43	3.75	0.00
Sebri	Egg	0.04	0.04	27.64	44.90	23.07	143.27	65.11	6.88	0.00
	Nymph	0.07	0.07	67.03	499.36	40.59	6101.83	309.81	8.65	0.00
	Adult	0.02	0.02	7.08	30.24	5.77	62.09	15.34	4.16	0.00
Natanzi	Egg	0.05	0.05	26.33	58.17	22.56	261.14	55.24	6.78	0.00
	Nymph	0.07	0.07	67.82	522.53	41.81	6403.92	314.63	8.68	0.00
	Adult	0.03	0.03	6.97	32.09	5.63	64.87	17.00	4.13	0.00
Harvest Queen	Egg	0.02	0.02	32.78	43.61	28.24	70.71	72.62	7.22	0.00
	Nymph	0.06	0.06	73.71	109.50	47.31	1141.32	337.05	8.84	0.00
	Adult	0.00	0.00	11.07	43.08	9.77	106.32	18.09	5.05	0.00
Coscia	Egg	0.03	0.03	29.50	41.25	25.14	69.83	62.50	7.01	0.00
	Nymph	0.06	0.06	65.20	111.12	42.11	1119.89	288.84	8.60	0.00
	Adult	0.00	0.00	9.36	36.73	7.98	61.66	16.95	4.71	0.00
Shah miveh	Egg	0.02	0.02	46.66	44.48	40.54	100.99	100.65	7.93	0.00
	Nymph	0.05	0.05	121.14	106.23	72.08	967.89	585.02	9.84	0.00
	Adult	0.00	0.00	16.80	41.91	14.41	101.85	33.76	5.89	0.00

مدل گردیده است. در مطالعات مشابهی، اختلاف پراکنش حشرات و دقت نمونه‌برداری از جمعیت آن‌ها در ارقام مختلف گیاهان مشاهده شده است (Forbanka et al., 2023).

موضوعات اصلی در شبیه‌سازی، دستیابی به منابع معتبر اطلاعات در مورد انتخاب مناسب خصوصیات و ویژگی‌های رفتارهای کلیدی پدیده مورد مطالعه است. همچنین ساده‌سازی تقریبی و حداقل کردن فرضیات مدل شبیه‌سازی، به طوری که اصول واقعی پدیده را مخدوش نکرده و آن را بی‌اعتبار نسازد، از جنبه‌های دیگر شبیه‌سازی محسوب می‌شود. اصطلاح وفاداری شبیه‌سازی (Simulation Fidelity) برای توصیف صحت یک شبیه‌سازی و چگونگی تقلید از همتای واقعی حاصل از نمونه‌برداری از جمعیت استفاده می‌شود (Liu et al., 2008). در نمودارهای شکل ۱ به مقایسه روند جمعیت پیش‌بینی شده توسط مدل ARIMA و مشاهدات حاصل از نمونه‌برداری از محیط طبیعی بستر زیست (باغ) پرداخته شده است.

نمودارهای خودهمبستگی‌های باقی‌مانده (Residual ACF) و خودهمبستگی‌های جزئی (Residual PACF) مدل‌های سری زمانی برای مراحل مختلف رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسپیل گلابی به تفکیک ارقام گلابی مورد مطالعه در شکل ۲ نشان داده شده است. خودهمبستگی سریالی رابطه بین متغیر پیش‌بینی جمعیت حاصل مدل را با خود ولی با یک وقفه در فواصل زمانی مختلف می‌باشد. همبستگی سریالی (با یک وقفه) با ترسیم هر مانده به‌غیر از اولین مانده در برابر مانده قبل از خود مورد بررسی قرار گرفته است. زمانی که خودهمبستگی مثبت است، واریانس کمتر از حد برآورد می‌شود و خطای نوع اول افزایش می‌یابد. زمانی که خودهمبستگی منفی است، واریانس بیش از حد برآورد می‌شود و خطای نوع دوم افزایش می‌یابد. خودهمبستگی خطاهایی که غیر قابل مشاهده‌اند، می‌تواند به‌طور کلی به‌خاطر تولید خودهمبستگی در مانده‌های قابل مشاهده نمایان شود. به عبارت دیگر، بالا بودن خودهمبستگی نشان‌دهنده خطای نمونه-برداری بوده که باعث اختلاف بین مشاهدات حاصل از نمونه‌برداری با پیش‌بینی مدل شده و یا از کمبود توانایی وفاداری شبیه‌سازی مدل منشاء می‌گیرد و یا از کمبود توانایی وفاداری شبیه‌سازی مدل منشاء می‌گیرد که می‌تواند به دلیل عدم در نظر گرفتن تمامی عوامل تأثیرگذار بر جمعیت پسپیل گلابی، یا نواقص در ساختار مدل‌سازی باشد. این عوامل ممکن است منجر به انحراف در پیش‌بینی‌ها و اختلاف با داده‌های واقعی شوند. خودهمبستگی باقی‌مانده‌ها به برآورد مقدار میانگین عدم قطعیت وقتی نمونه‌گیری از یک جامعه نامتجانس باشد (Flores et al., 2012) نظیر شرایط مطالعه حاضر که از جمعیت‌های فعال در ریز زیست‌بوم‌های ارقام گلابی نمونه‌برداری شده، کمک می‌کند.

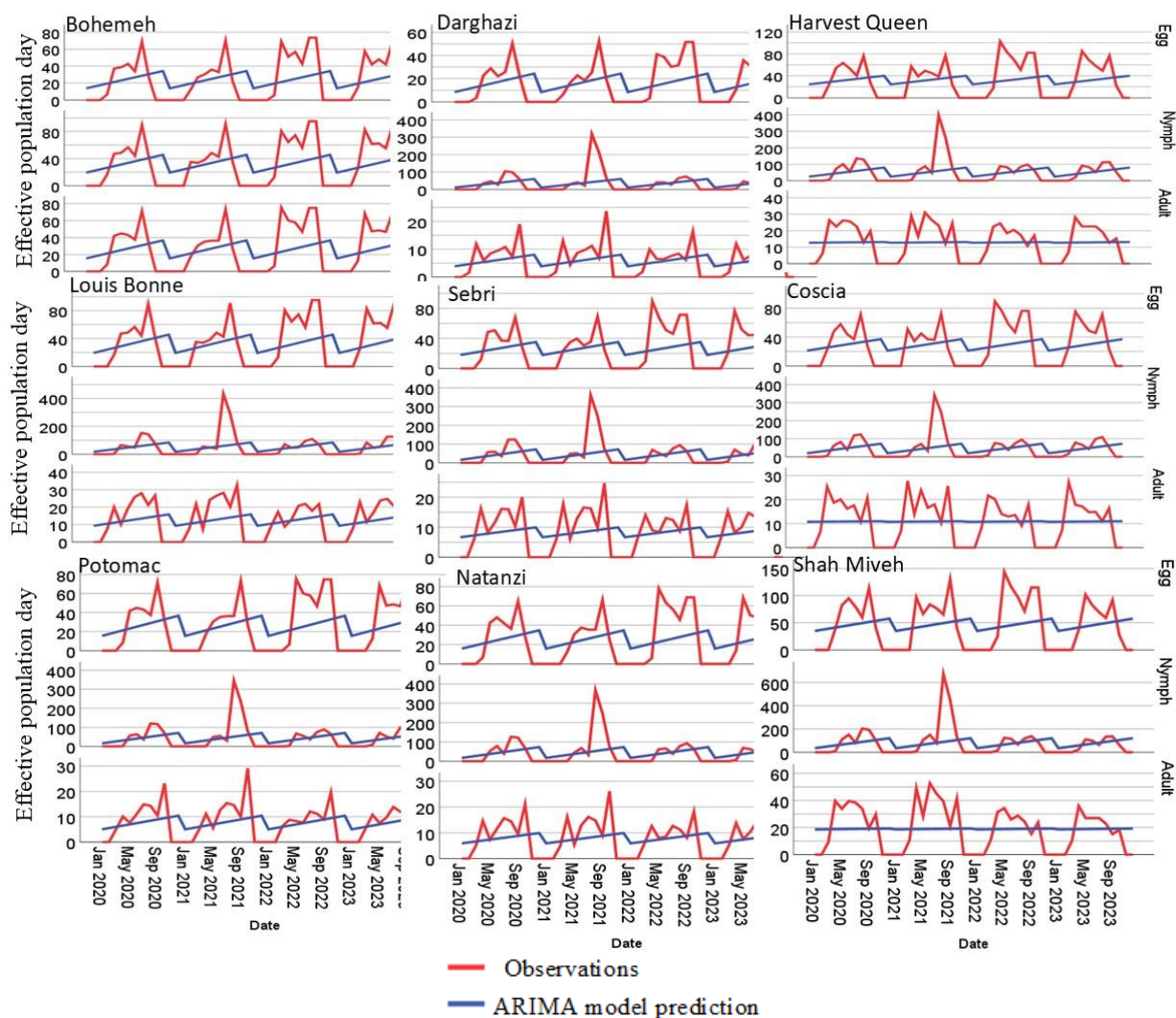
حداکثر خطای مطلق (MaxMAE) و حداکثر درصد میانگین درصد خطای مطلق (MaxMAPE) نیز روند مشابهی داشتند که حاکی از توانایی مدل ARIMA در برازش جمعیت هر سه مرحله رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسپیل گلابی در نه رقم گلابی مورد مطالعه بود. معیار اطلاعات بیزی نرمال شده (BIC) که میزان اطلاع از دست رفته توسط مدل را مشخص می‌کند نیز روند مناسبی را نشان داد به طوری که میانگین این شاخص در سه مرحله رشدی حشره و در کل ارقام مورد مطالعه ۶/۸۱ بود. حداکثر مقدار این شاخص در مرحله پوره در رقم شاه میوه و معادل ۹/۸۴ و حداقل آن در مرحله حشره-کامل در رقم درگری و معادل ۳/۷۵ بود.

به‌طور کلی، مدل سری زمانی ARIMA توانایی مناسبی در پیش‌بینی جمعیت هر سه مرحله رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسپیل گلابی نشان داد. تفاوت‌هایی در میان شاخص‌های تناسب مدل در هر سه مرحله رشدی مشاهده شده است، به طوری که به‌ترتیب مرحله تخم، پوره و حشره کامل برازش‌های مناسب‌تری نشان داده‌اند عبارت دیگر، تفاوت میان مقادیر پیش‌بینی‌شده توسط مدل و مقادیر مشاهده‌شده در مراحل مختلف رشدی پسپیل گلابی، شامل تخم، پوره و حشره کامل، به تدریج کاهش می‌یافت. میزان تحرک مرحله رشدی یکی از مهم‌ترین دلایل این تفاوت‌ها بوده است، زیرا با افزایش میزان تحرک معمولاً دقت نمونه‌برداری کاهش می‌یابد و ردیابی جمعیت مشکل‌تر می‌شود (Daniel Kissling et al., 2014).

عامل دیگر، نوع روش نمونه‌برداری بوده است، به طوری که در این پژوهش از واحد بستر زیست (برگ) برای نمونه‌برداری از تخم و پوره استفاده شده است. سطح واحد نمونه‌برداری همراه با تغییرات رشدی برگ در طی فصل افزایش یافته است و در انتهای فصل همراه با کاهش جمعیت حشره، کاهش نشان می‌داد، اما در مرحله رشدی حشره کامل به دلیل تحرک خیلی زیاد آفت، امکان نمونه‌برداری از واحد بستر زیست وجود نداشت و از روش قیف‌اشناپدر استفاده شد. بخشی از اختلاف در توانایی مدل برای پیش‌بینی جمعیت سه مرحله رشدی پسپیل گلابی به دلایل ذکر شده مرتبط است. در تحقیقات مشابه نیز تفاوت دقت و صحت نمونه‌برداری براساس نوع روش نمونه‌برداری مورد تأیید قرار گرفته است (Didham et al., 2020).

نوع رقم میزبان نیز در تعیین قدرت پیش‌بینی مدل ARIMA مؤثر بوده است. ارقام مختلف گلابی به لحاظ شکل‌شناسی برگ، میوه گل و ساختار کلی درخت تفاوت دارند (Erfani et al., 2014). این اختلاف شکل‌شناسی و ساختار در نحوه پراکنش فضایی مراحل مختلف رشدی تخم، پوره و حشره کامل پسپیل گلابی در قسمت‌های مختلف درخت تأثیر داشته و باعث بروز اختلافاتی در دقت نمونه-برداری‌ها و بین برآورد جمعیت با پیش‌بینی‌های انجام شده توسط



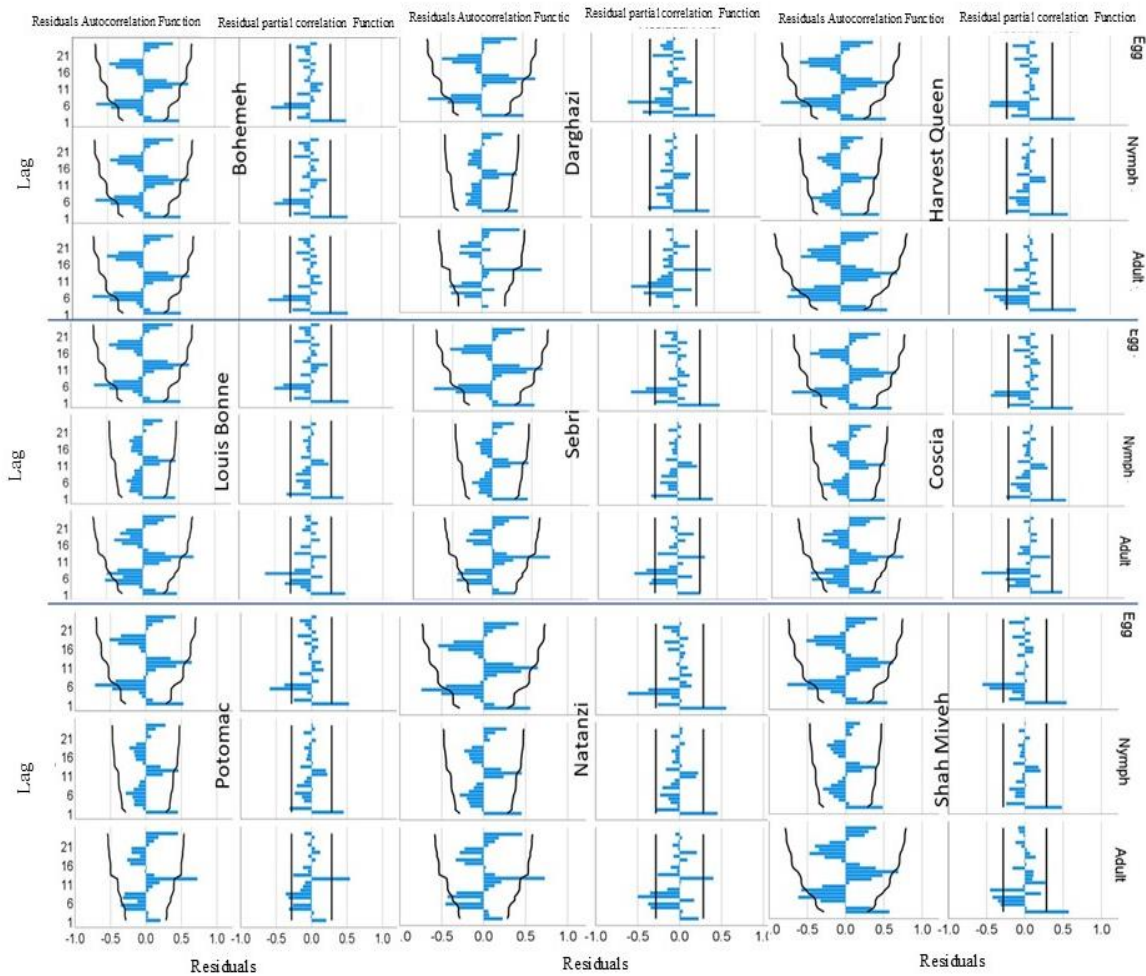


شکل ۱- روند تغییرات جمعیت مراحل رشدی پسیل گلابی روی نه رقم گلابی مورد مطالعه براساس پیش‌بینی مدل ARIMA و مشاهدات

Figure 1- The trend of the population fluctuations of different developmental stages of pear psylla on the nine studied pear cultivars based on ARIMA model prediction and observations

تمایل بازگشتی ممکن است نشان‌دهنده بازگشت جمعیت وابسته به تراکم به ظرفیت تحمل محیط باشد. با این حال، سایر ویژگی‌های جمعیت ممکن است تمایلات بازگشتی را در سری‌های زمانی که به تراکم جمعیت وابسته نیستند، سوق دهد. به طور خاص، خطای نمونه-بردای مستقل یک گرایش بازگشتی ایجاد می‌کند که کاملاً با تراکم جمعیت ارتباط ندارد. از آنجایی که جمعیت‌های طبیعی به ندرت به صورت تراکم مطلق ارزیابی می‌شوند و تخمین تراکم به صورت نسبی با نمونه‌برداری از جمعیت انجام می‌شود، پذیرش خطاهای ایجاد شده در مواقع وقوع جمعیت‌های بالاتر از حد نرمال مورد قبول است (Shenk et al., 1998).

بر اساس شکل ۲ مقادیر خودهمبستگی‌های باقی‌مانده و خودهمبستگی‌های جزئی در اکثر مراحل رشدی و ارقام مختلف به صورت مطلق از ۰/۵ کوچک‌تر بوده و نشان‌دهنده این است که داده‌های باقی‌مانده تأثیرگذار که در برآزش مدل سری زمانی وارد نشده باشد در حداقل مقدار است. البته مقدار این همبستگی‌ها در برخی موارد به خصوص در مرحله رشدی حشره کامل در حد متوسط قرار گرفته به خصوص در شرایط اوج تراکم جمعیت که احتمال خطای مشاهده حاصل از نمونه‌برداری افزایش می‌یابد. آزمون‌های وابستگی تراکم جمعیت که برای ارزیابی سری‌های زمانی جمعیت طراحی شده‌اند، اساساً ابزارهای آماری برای ارزیابی تمایلات بازگشت جمعیت به حالت تعادل زمان قبلی در طول دوره نمونه‌برداری هستند. چنین



شکل ۲- خودهمبستگی‌های باقی‌مانده (Residual ACF) و خودهمبستگی‌های جزئی (Residual PACF) مدل‌های سری زمانی مراحل مختلف پسیل گلابی به تفکیک ارقام گلابی

Figure 2- Residual autocorrelations (Residual ACF) and partial autocorrelations (Residual PACF) of different stages of pear psylla time series models by pear cultivars

همه ارقام گلابی مورد مطالعه، اوج تراکم جمعیت نسل تابستانه تخم پسیل گلابی کمتر از نسل بهاره و پاییزه بود. در طی دوره نمونه‌برداری، سه دوره فعالیتی در منحنی تغییرات تراکم جمعیت پوره آفت قابل تشخیص بود. دوره اول از اواخر فروردین آغاز شده و تا انتهای خرداد ادامه داشت. اوج تراکم جمعیت پوره در این دوره در اواسط خرداد به‌وقوع می‌پیوست. دوره دوم از اواخر خرداد آغاز گردیده و تا اواخر شهریور ادامه داشت، اوج تراکم جمعیت پوره در این دوره مربوط به اواخر شهریور بود. دوره سوم از اوایل مهر آغاز شده و تا انتهای فصل ادامه داشت. اوج تراکم جمعیت پوره در این دوره در اواسط مهر بود. طولانی‌ترین دوره مربوط به موج بهاره بود. مسیرهای تغییرات فصلی سطوح جمعیت پوره پسیل از دو الگوی کلی پیروی می‌کند. در گروه اول شامل ارقام شاه‌میوه، پتوماک، سبری، نطنزی، هاروست کوئین و کوشیا بود که تراکم جمعیت پسیل

با توجه به منحنی شکل ۱، دوره اول جمعیت تخم پسیل گلابی از اوایل فروردین شروع شده و تا اواخر خرداد ادامه داشت. اوج تراکم جمعیت در حدود اواسط اردیبهشت اتفاق می‌افتاد. دوره دوم از اوایل تیر شروع شده و تا اواخر مرداد ادامه داشت. اوج تراکم جمعیت در این دوره حدود اواخر تیرماه بود. دوره سوم از اواخر مرداد شروع شده و تا انتهای آبان ادامه داشت. اوج تراکم جمعیت در این دوره حدود اوایل مهرماه بود. تفاوت‌های بین تراکم جمعیت تخم پسیل گلابی در ارقام مختلف قابل تشخیص است. در همه ارقام مورد مطالعه، تراکم جمعیت تخم در اوایل فصل (اوایل تا اواسط خرداد) بالاترین میزان بود. متوسط تخم‌های پسیل گلابی به ترتیب در ارقام شاه‌میوه، سبری، نطنزی، کوشیا و هاروست کوئین بیشترین مقدار بود. در رقم بیروتی، اوج تراکم جمعیت تخم نسل پاییزه بالاتر از سایر نسل‌ها بود. در سایر ارقام، اوج مربوط به نسل بهاره بالاتر از سایر نسل‌ها بوده است. در

در منحنی تغییرات تراکم جمعیت همه مراحل رشدی پسیل گلابی یک روند سینوسی اتفاق افتاد، به گونه‌ای که تراکم جمعیت در ابتدای هر دوره افزایش یافته تا به نقطه اوج منحنی رسید. پس از آن، روند کاهشی در منحنی تراکم ثبت شد. روند تغییرات در مشاهدات با پیش‌بینی مدل یکسان بود. در برخی از مراحل رشدی نظیر حشره-کامل و در برخی از ارقام نظیر شاه‌میوه که تراکم جمعیت بالاتر از حد طبیعی بود، روند سینوسی در پیش‌بینی جمعیت توسط مدل مشاهده نشد.

در تحقیق مشابهی که دو سال تحقیق متوالی روی ساختار جمعیت و چرخه زیستی پسیل در یک باغ گلابی کوچک، در شمال رومانی انجام شده، مشخص گردید که حشرات کامل پسیل در نیمه اول ماه مارس (حدود اواخر اسفند) از خواب زمستانی خارج می‌شوند و سه نسل در سال تولید می‌کنند. نسل اول حشرات کامل در دهه اول ژوئن (حدود خرداد)، نسل دوم در دهه آخر جولای (حدود تیر) و نسل سوم در دهه اول سپتامبر (حدود شهریور) با ورود به فاز خواب زمستانی ظاهر می‌شوند. پوره‌های نسل اول در نیمه دوم آوریل (حدود اردیبهشت)، نسل دوم در اواخر ژوئن - اوایل ژولای (اواخر خرداد تا اوایل تیر) و نسل سوم در دهه دوم سپتامبر (مرداد تا شهریور) ظاهر می‌شوند. همچنین، در این پژوهش اختلاف بین ارقام گلابی ثبت شد، به طوری که رقم گلابی "ویلیامز" به شدت تحت تأثیر جمعیت آفت قرار گرفت (Marcasan et al., 2022)، نتایج این تحقیق روند مشابهی با نتایج پژوهش حاضر در تغییرات تراکم جمعیت مراحل تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی نشان داد.

در مطالعه دیگری که در کره انجام شد، مشخص گردید که پسیل گلابی در زیر پوسته درختان گلابی به صورت حشرات کامل زمستان‌گذرانی می‌کند و آن‌ها از اواسط فوریه (اواخر اسفند تا اوایل فروردین) به شاخه‌های بارده گلابی منتقل می‌شوند. روند تغییرات فصلی پسیل گلابی در سال‌های مطالعه متفاوت بود، به طوری که در سال ۱۹۹۳، با دمای سرد و بارش شدید باعث شد که جمعیت در طول فصل رشد بالا باقی ماند. با این حال، جمعیت از اوایل تیرماه سال ۱۹۹۴، سالی که شرایط آب‌وهوایی گرم و خشک بود، به سرعت کاهش یافت. در سال ۱۹۹۵، یک سال با دمای متوسط، تراکم جمعیت در طول ماه‌های گرم تیر و مرداد کاهش یافت و دوباره در شهریور و مهر افزایش یافت. دوره رشد و مرگ‌ومیر مراحل رشدی مختلف این حشره در دمای بالاتر افزایش یافت. پارامترهای یک مدل غیرخطی و مدل‌های رشد خطی برای این حشره برآزش شد (Kim, 2000). در این مطالعه نیز اگر چه در سال‌های مختلف روند منحنی‌های تغییرات جمعیت براساس پیش‌بینی مدل و مشاهدات حاصل از نمونه‌برداری مشابه بود، اما سطح تراکم جمعیت تفاوت داشت. اینکه چه عوامل زنده یا غیر زنده‌ای در بروز این تفاوت‌ها در هر رقم مؤثر است، موضوعی است که نیاز به پژوهش‌های تکمیلی دارد.

پوره به تدریج در اوج‌های مختلف کاهش یافته و در اواخر مهر یا اوایل آبان به سطوح نزدیک به صفر رسید. در این گروه، در طی تابستان، کاهش تراکم بیشتری نسبت به دوره‌های فعالیت بهاره و پاییزه مشاهده شد. گروه دوم شامل ارقام بیروتی، بوهمه و درگزی بودند که فعالیت پوره پسیل روی آنها در دوره‌های فعالیت سه‌گانه به تدریج افزایش یافته، به طوری که بلندترین اوج مربوط به پاییز بود. در این گروه فعالیت پوره پسیل تا اواخر پاییز نیز ادامه داشت. بالاترین اوج تراکم جمعیت مؤثر پوره مربوط به رقم شاه‌میوه بود. پایین‌ترین اوج تراکم مؤثر پوره مربوط به رقم بوهمه بود. ظهور جمعیت پوره نسل بهاره در برخی از ارقام گلابی شامل بیروتی و کوشیا یک هفته زودتر از سایر ارقام بود.

در طول دوره نمونه‌برداری، سه دوره فعالیتی در منحنی تغییرات تراکم جمعیت حشره کامل آفت نیز ثبت شد. دوره اول از اوایل فروردین شروع شده و تا اوایل خرداد ادامه داشت و اوج آن، اواخر فروردین تا اوایل اردیبهشت ثبت شد. دوره دوم از اوایل تیر ماه شروع شده و تا اواخر شهریور ادامه داشت. در این دوره، جمعیت آفت با اندک نوسانی در اوج بود. دوره سوم از اواسط شهریور شروع شده و تا انتهای فصل ادامه داشت. اوج تراکم این دوره، اواسط مهرماه بود. طولانی‌ترین دوره مربوط به دوره سوم با دو موج همه‌گیری بوده و در هر یک از سه دوره دیگر، یک موج همه‌گیری واقع گردیده بود. در ارقام گلابی شاه‌میوه، پتوماک، درگزی، نطنزی، هاروست کوئین و کوشیا، تراکم جمعیت حشره کامل پسیل گلابی در نسل بهار کمتر از نسل پاییزه بود. در ارقام بیروتی، بوهمه و سبری برعکس گروه قبلی تراکم جمعیت نسل پاییزه بالاتر از نسل بهاره بوده است. در همه ارقام گلابی مورد مطالعه، اوج تراکم جمعیت نسل تابستانه حشره کامل پسیل گلابی کمتر از نسل‌های بهاره و پاییزه بود. بالاترین اوج تراکم جمعیت مؤثر حشره کامل مربوط به رقم شاه‌میوه، هاروست کوئین و کوشیا بود. پایین‌ترین اوج تراکم مؤثر حشره کامل مربوط به رقم پتوماک بود. میانگین جمعیت تعداد تخم و پوره به‌ازای واحد جمعیت حشره کامل در نسل‌های مختلف تغییر کرد. این میزان در نسل‌های بهاره، تابستانه و پاییزه نیز متفاوت بوده و در نسل تابستان کم‌تر از دوره‌های جمعیت بهاره و پاییزه بود. در ارقام گلابی شاه‌میوه، پتوماک، درگزی، نطنزی، هاروست کوئین و کوشیا، تراکم جمعیت نسبت تعداد حشره کامل به تخم و پوره پسیل گلابی در نسل بهار کمتر از نسل پاییزه بود. در ارقام بیروتی، بوهمه و سبری برعکس گروه قبلی، این نسبت در نسل پاییزه بالاتر از نسل بهاره بوده است. در نتیجه، میزان تخم‌گذاری روزانه در فصول بهار و پاییز زیاد و در تابستان کم بود. در کلیه ارقام گلابی، بیشترین کاهش بقاء در مرحله حشره کامل و پس از آن، به ترتیب در مرحله تخم و پوره ایجاد می‌گردید. بیشترین طول دوره رشدی مربوط به مرحله پورگی بود. پس از آن، مراحل رشدی تخم و حشره کامل قرار داشتند.

در این پژوهش فقط به بررسی اثر رقم به‌عنوان منبع تغذیه پرداخته شده است. مطالعات مشابه دیگری نیز اثر رقم را بر تغییرات جمعیت این حشره و خسارت ناشی از آن مورد بررسی قرار داده‌اند. بررسی میزان تغذیه، زنده‌مانی و رشدونمو پوره‌های پسپیل گلابی روی سه ژنوتیپ حساس بارتلت، نسبتاً مقاوم ان - وای-۱۰۳۵۲ و مقاوم بردفورد گلابی نشان‌دهنده تغذیه و رشدونمو سریع روی رقم حساس؛ تغذیه کم، رشدونمو آهسته و عدم تکمیل چرخه زندگی (عدم تبدیل پوره سن چهار به پنج) روی رقم مقاوم و تغذیه همراه با زمان بسیار طولانی رشدونمو و رسیدن تعداد بسیار کمی از پوره‌ها به مرحله بلوغ در رقم نسبتاً مقاوم بوده است (Butt et al., 1989). مطالعات تکمیلی جهت تعیین سازوکار مقاومت و نوع صفات ارقام گلابی مؤثر بر بروز سازوکار مقاومت ارقام گلابی به این حشره توسط نگارندگان در حال انجام است.

### میان‌همبستگی (همبستگی تقاطعی) جمعیت مراحل چرخه زیستی پسپیل گلابی

همبستگی تقاطعی، روشی برای اندازه‌گیری درجه شباهت بین سری زمانی یک مرحله رشدی و یک مرحله رشدی بعد از آن است. این نوع همبستگی برای بررسی پویایی جمعیت مراحل مختلف رشدی پسپیل گلابی مفید است، زیرا می‌تواند نشان دهد که آیا مقادیر یک سری زمانی جمعیت یک مرحله رشدی توانایی پیش‌بینی مقادیر تراکم جمعیت آینده سری زمانی مرحله رشدی بعدی را دارند؟ به عبارت دیگر، می‌تواند بگوید که آیا یک سری زمانی شاخص یک مرحله رشدی پیشرو برای سری زمانی دیگر است یا خیر؟ حشرات با دگردیسی ناقص یا تدریجی نظیر پسپیل گلابی، نوزادان و افراد جوان که پوره نامیده می‌شوند کم‌وبیش شبیه حشرات کامل می‌باشند و فقط از لحاظ اندازه، طول، تعداد بندهای حشرات شاخک، چشم‌های ساده، شکل و اندازه بال‌ها با آن‌ها متفاوت هستند. چشم مرکب از همان مراحل اولیه رشد در پوره‌ها دیده می‌شود. بال‌ها ابتدا به‌صورت جوانه‌هایی در پشت سینه دوم و سوم ظاهر می‌شوند و طی سنین مختلف به‌تدریج رشد کرده و قبل از بلوغ کامل می‌شوند. بنابراین سه مرحله رشدی متمایز پسپیل گلابی به‌ترتیب تخم، پوره و حشره کامل می‌باشد (Wong, 1967).

بسیاری از کارهای تجربی اخیر در مورد تأثیر منبع گیاهی بر گیاه‌خواران بندپایا، فرضیه تمرکز منابع روت (۱۹۷۳) و فرضیه دشمنان طبیعی را مورد آزمایش قرار دادند. این مطالعات با دو محدودیت اصلی روبه‌رو بوده‌اند: نخست آنکه تنها بخشی از موضوع بررسی شده است و دوم، نبود یک شاخص مشترک که امکان مقایسه تأثیر منابع تغذیه مختلف بر چرخه زندگی را فراهم کند (Andow, 1990). در این پژوهش، ضریب همبستگی مقابل میان تغییرات جمعیت هر مرحله

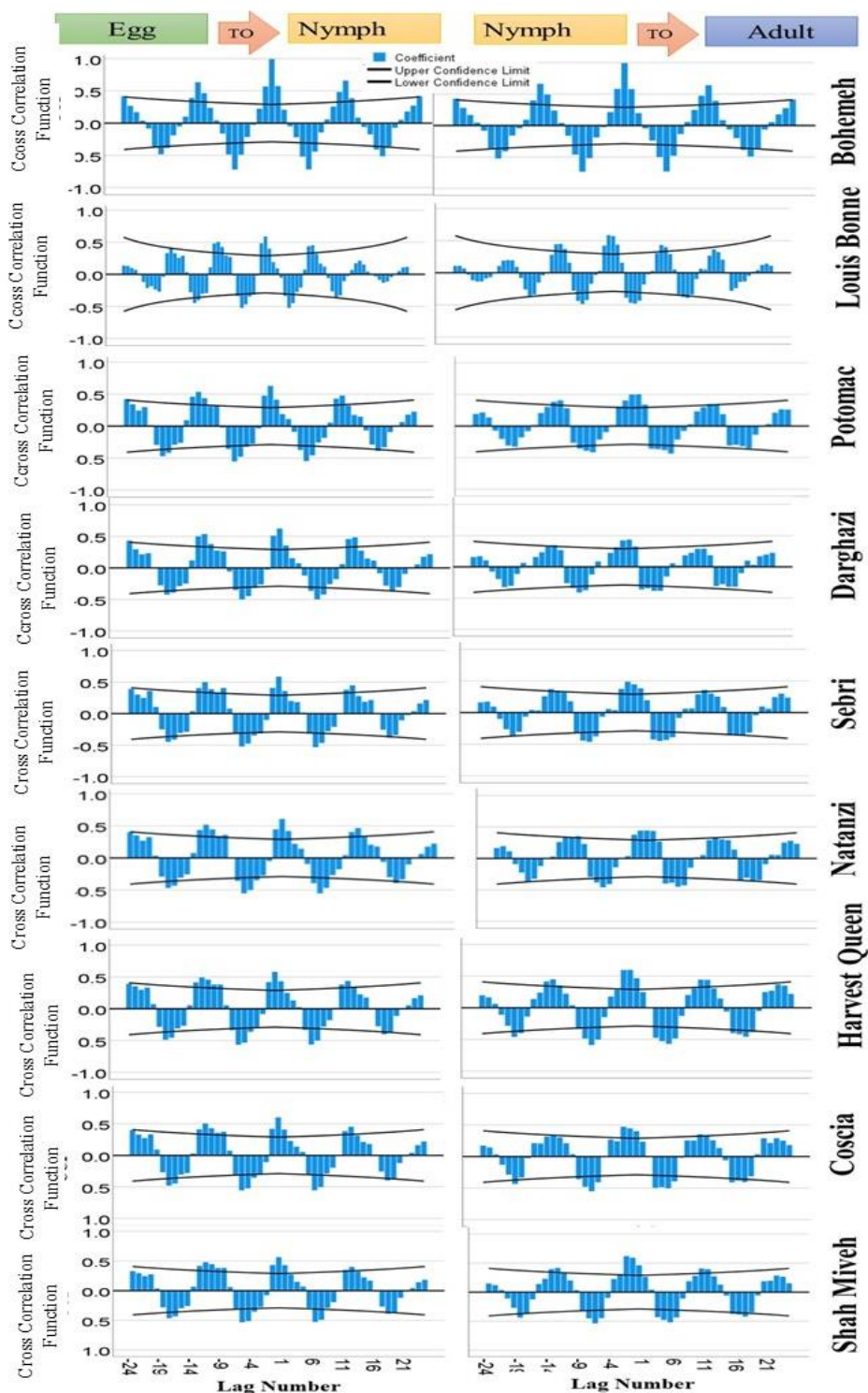
رشدی با مرحله رشدی بعد از آن و تأثیر ایجاد تغییر در تراکم جمعیت در اثر تغییر منبع (رقم گلابی) روی مراحل رشدی مختلف پسپیل گلابی بررسی شده است. در شکل ۳، ضرایب همبستگی تقاطعی میان جمعیت تخم به پوره و پوره به حشره کامل درج شده است. ضریب همبستگی همیشه عددی بین ۱ تا -۱ است. ضریب همبستگی بین صفر تا یک به معنی داشتن همبستگی مثبت بین جمعیت دو مرحله رشدی متناوب است. هرچه این ضریب به یک نزدیک‌تر باشد، ارتباط بین جمعیت دو مرحله رشدی دارای همبستگی قوی‌تر است. همبستگی مثبت یعنی با افزایش جمعیت یک مرحله رشدی، تراکم جمعیت مرحله رشدی بعدی نیز افزایش می‌یابد. ضریب همبستگی بین ۰ تا -۱ به معنی داشتن همبستگی منفی بین جمعیت دو مرحله رشدی متناوب است و هرچه مقدار آن به -۱ نزدیک‌تر باشد، یعنی همبستگی منفی قوی‌تر بین جمعیت‌های متناوب پسپیل گلابی برقرار است. همبستگی منفی یعنی با کاهش جمعیت یک مرحله رشدی، تراکم جمعیت مرحله بعد از آن افزایش می‌یابد. بنابراین، با استفاده از شکل ۳ و ضرایب تقاطعی مندرج در آن، ضمن امکان پیش‌بینی جمعیت هر مرحله رشدی براساس جمعیت مرحله قبل، امکان تفسیر اثرات متقابل رقم به‌عنوان منبع تغذیه روی مراحل مختلف رشدی پسپیل گلابی به‌عنوان گیاه‌خوار فراهم شده است.

مقدار ضریب همبستگی تقاطعی در طی فصل در سال‌های انجام مطالعه در مراحل مختلف رشدی و در ارقام مختلف بسیار متفاوت بوده است. همان‌طور که در شکل ۳ ملاحظه می‌گردد. رابطه بین جمعیت تخم و پوره، و پوره و حشره کامل در مواقعی مستقیم و افزایشی و در مواقعی نیز معکوس و کاهش‌ی بوده است. این تغییرات ناشی از تفاوت کیفیت ارقام گلابی برای سه مرحله رشدی بوده است. جهت بررسی شدت اثر میانگین قدرمطلق ضریب همبستگی در طی چهار سال اجرای پژوهش بررسی شد که نتایج آن در شکل ۴ درج شد.

همان‌طور که در شکل ۴ ملاحظه می‌گردد، میانگین قدرمطلق ضریب تقاطعی در حدود ۰/۳ تا ۰/۴ متغیر بوده که نشان‌دهنده قدرت تشخیص متوسط هر مرحله رشدی نسبت به مرحله رشدی بعد از آن بوده است. حداکثر قدرت تشخیص در ارقام مختلف مربوط به انتقال جمعیت از مرحله پوره به حشره کامل بوده است. این موضوع می‌تواند به‌دلیل تأثیر عوامل مختلف زیستی و غیرزیستی مؤثر بر تراکم جمعیت در مرحله انتقال از مرحله تخم به پوره و تلفات بیشتر در این دو مرحله رشدی باشد. در ارقام گلابی با تراکم جمعیت بالاتر که در اکثر مواقع جمعیت بالاتر از حد نرمال داشته‌اند نظیر رقم‌های شاه‌میوه، توانایی تشخیص مدل کمتر بوده و در عوض، در ارقام با تراکم جمعیت زیرنرمال مانند بوهمه، قدرت تشخیص مدل بیشتر بوده است. این موضوع می‌تواند به‌دلیل تفاوت کیفیت تغذیه‌ای این ارقام برای جمعیت مراحل مختلف رشدی و در نتیجه، ظرفیت زیستی جمعیت-

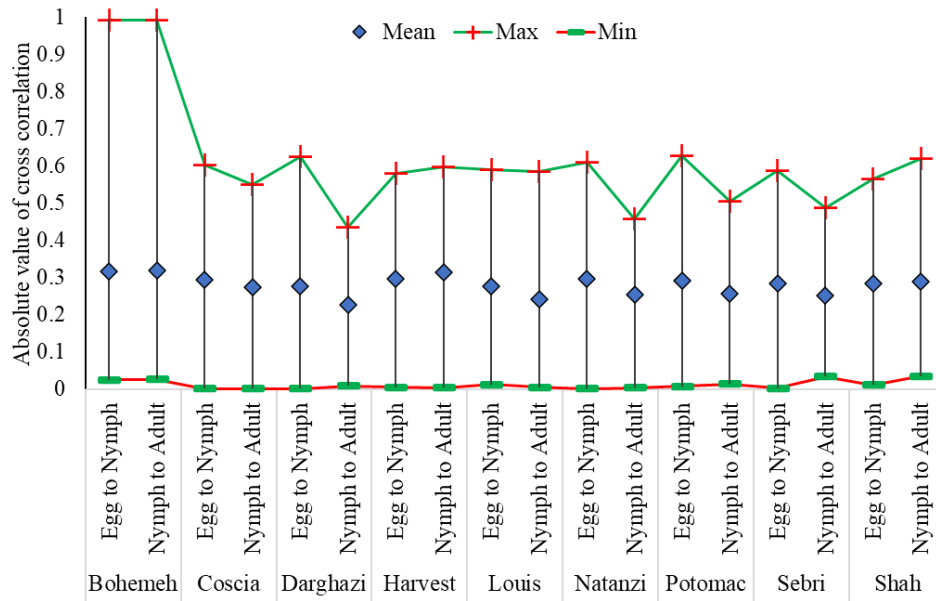
فضاهای زیستی دارای ابعاد مختلفی بوده که یکی از آنها کیفیت تغذیه است (Del Monte-Luna *et al.*, 2004).

های فعال در ریززیست‌بوم فعال روی آن ارقام باشد. در ارقامی که ظرفیت تحمل جمعیت کمتری دارند، زودتر از سایر ارقام تولدها و مرگ‌ومیرها به نقطه تعادل می‌رسد. در محیط‌های طبیعی، اندازه‌گیری



شکل ۳- همبستگی تقاطعی تراکم جمعیت مراحل چرخه زیستی پسیل گلابی در مدل سری زمانی ARIMA

Figure 3- Cross-correlation of the population density of the life cycle stages of Psylla in ARIMA time series model



شکل ۴- میانگین، حداکثر و حداقل قدرمطلق همبستگی تقاطعی جمعیت چرخه زیستی پسیل گلابی در نه رقم گلابی مورد مطالعه

Figure 4- Average, maximum and minimum absolute values of cross-correlation of pear psyllid life cycle population in nine studied pear cultivars

حاضر، حلقه دوم زنجیره غذایی یعنی ارتباط بین پسیل گلابی به‌عنوان گیاه‌خوار و سن آنتوکورید به‌عنوان گوشت‌خوار را هدف تحقیق قرار داده بود. درحالی‌که پژوهش حاضر روی حلقه اول زنجیره غذایی در زیست‌بوم باغ‌های گلابی متمرکز بود. از طرف دیگر، در آن پژوهش در نهایت از مدل پیش‌بینی‌کننده خاصی استفاده نشده و فقط از پتانسیل همبستگی متقاطع برای بیان ارتباط بین گیاه‌خوار و گوشت‌خوار در حلقه دوم و سوم زنجیره غذایی استفاده نموده است. نقطه قوت آن تحقیق، تمرکز بر سن آنتوکورید به‌عنوان یکی از عوامل کلیدی در تعیین ظرفیت محیطی زیست‌بوم باغ‌های گلابی در منطقه مورد مطالعه بوده است.

در مطالعه دیگری، تأثیر تراکم جمعیت پسیل گلابی به‌عنوان ناقل بیماری فیتوبلاسمایی گلابی مورد بررسی قرار گرفته و از روش مدل سری زمانی نقش تغییرات جمعیت پسیل گلابی در شدت بروز بیماری به‌وسیله مدل سری زمانی در کالیفرنیا استفاده شده است (Blomquist et al., 2002). هرچند که هدف آن تحقیق با پژوهش حاضر متفاوت بوده است. اما نتایج آن حاکی از دامنه کاربرد وسیع مدل‌های سری زمانی در پیش‌بینی‌های مربوط به مدیریت تلفیقی آفات در باغ‌های گلابی است.

### نتیجه‌گیری

در این مطالعه، پیش‌بینی وقوع فصلی جمعیت مراحل تخم، پوره و حشره کامل پسیل گلابی روی نه رقم گلابی از طریق مدل ARIMA فصلی با دقت نسبتاً خوبی برآورد شد، اگرچه دقت بسته به رقم و

بنابراین پژوهش حاضر، در واقع یکی از گام‌های مؤثر در مدل‌سازی جمعیت مراحل مختلف رشدی پسیل گلابی بوده و تکمیل این مدل نیاز به بررسی سایر شاخص‌های زیستی و غیر زیستی مؤثر بر تغییرات ظرفیت تحمل جمعیت ارقام گلابی برای مراحل مختلف چرخه زیستی پسیل گلابی می‌باشد.

تلاش‌های زیادی برای استفاده از مدل‌های سری زمانی در پیش‌بینی جمعیت حشرات در سیستم‌های زراعی، باغی و جنگلی شده است (Didham et al., 2020). هر یک از این مطالعات دارای نقاط ضعف و قوتی نسبت به این پژوهش بوده‌اند. به‌عنوان مثال، به‌منظور آزمایش اینکه آیا سن‌های آنتوکورید شکارگر هنگامی که جمعیت پسیل گلابی در حال افزایش است به باغ‌های گلابی مهاجرت می‌کنند یا خیر، یک تجزیه و تحلیل همبستگی متقابل روی تعداد جمعیت آن‌ها انجام شده است. نتایج پژوهش نشان داد که جمعیت آنتوکوریدهای بالغ و جوان، همبستگی متقاطع قوی با تخم‌ها و پوره‌های پسیل گلابی دارد، اما همبستگی کمتری با حشرات پسیل گلابی نشان داد. همچنین اولین اوج جمعیت آنتوکوریدهای بالغ در درختان گلابی همیشه دیرتر از اولین اوج آن‌ها در پرچین‌های اطراف باغ بود. اولین اوج جمعیت پوره‌های آنتوکورید در درختان گلابی نیز همیشه دیرتر از اولین اوج حشرات کامل گلابی بود. در هر سه سال، آنتوکوریدها به‌ندرت در اولین بخش از فصل رشد (آوریل  $\pm$  ژوئن) در باغ گلابی مشاهده شد، اما در نیمه دوم فصل رشد (ژوئیه  $\pm$  آگوست) یک همبستگی تقاطعی قوی بین دو جمعیت وجود داشت (Scutareanu et al., 1999). این پژوهش در مقایسه با تحقیق

بین گیاه‌خواری میزبان حتی برای زیست‌بوم‌های کشاورزی که دارای گونه‌های محدود در سطح حلقه‌های مختلف زنجیره غذایی هستند، ساده نیست، زیرا (۱) تعداد زیادی از انواع برهم‌کنش‌های بوم‌شناختی وجود دارد که مدل‌سازی برخی از آن‌ها ممکن است بسیار دشوار باشد و (۲) یک مدل معمولاً با مؤلفه‌های رفتاری متعددی ساخته می‌شود که هر یک از آن‌ها می‌تواند با تغییر فرآیندهای تولد-مرگ به‌عنوان یک منبع محرک پویایی جمعیت عمل کند. ارزیابی اثرات پویایی این مؤلفه‌ها با استفاده از مدل‌های سری زمانی، دستاوردهای کاربردی برای مدیریت تلفیقی آفات فراهم می‌کند. یک مزیت دیگر این مدل‌ها این است که این امکان را می‌دهد تا ارتباطات بین گونه‌ای را که برای درک پویایی جمعیت ضروری است، شناسایی شود. الزامات، نظارت بلندمدت گونه‌های مختلف و توسعه ابزارهای تحلیل سری‌های زمانی پیچیده است. نتایج این پژوهش نیز یک گام اولیه در ایجاد رویکرد استفاده از مدل‌های سری زمانی در پیش‌بینی جمعیت پسیل گلابی بود. بررسی تعاملات مؤلفه‌های زیستی (شکارگرها، پارازیتوئیدها، عوامل بیمارگر و گونه‌های رقیب) و عوامل غیر زیستی (مؤلفه‌های هواشناسی نظیر حرارت، رطوبت، بارندگی) برای تکمیل این رویکرد ضروری می‌باشند.

زمان متفاوت بود. همچنین مشخص شد که تغییرات تراکم جمعیت مرحله گذشته، در طول چرخه زندگی پسیل در پیش‌بینی مراحل رشدی بعدی تأثیر دارند. پوره و حشره کامل به‌عنوان مراحل آسیب‌زای این حشره برای پیش‌بینی وقوع تراکم جمعیت حشره در آینده از اهمیت بیشتری برخوردار هستند. مدل فصلی ARIMA یک ابزار قدرتمند است که می‌تواند برای پیش‌بینی شیوع آفات در آینده مورد استفاده قرار گیرد. استفاده از این مدل در مدیریت آفات، توانایی تصمیم‌گیری را بهبود می‌بخشد و امکان انتخاب اقدامات پیشگیرانه پایدار برای حفاظت از امنیت غذایی را فراهم می‌کند. در این پژوهش، مدل‌های سری‌های زمانی با گام‌های زمانی منظم و با بهره‌گیری کامل از غنای تغذیه ارقام گلابی به‌عنوان منبع تغذیه‌ای حشره گیاه‌خواری به‌نام پسیل گلابی برآزش شدند. انعطاف‌پذیری مدل‌ها در توصیف رفتارهای مختلف فنولوژیکی سالانه مراحل مختلف رشدی پسیل گلابی (بدون نیاز به منحنی‌های پارامتری از پیش تعریف شده) و امکان خود کالیبره کردن مدل‌ها با کمک مدل‌های خودهمبستگی و میان‌همبستگی، این رویکرد را به ابزاری ارزشمند برای ارزیابی و نظارت بر جمعیت این حشره در باغ‌های دارای ارقام مختلف گلابی برای پیاده‌سازی سیستم‌های نظارت وابسته به زمان تبدیل می‌کند. بالین حال، پاسخ به نیاز پیش‌بینی جمعیت تنها با مدل‌سازی ارتباط

## References

1. Andow, D.A. (1990). Population dynamics of an insect herbivore in simple and diverse habitats. *Ecology*, 71(3), 1006-1017. <https://doi.org/10.2307/1937369>
2. Behdad, E. (1991). *Iran Pests of Fruit Trees* (2<sup>nd</sup> Ed.), Bahman Nashr Press, Esfahan, Iran, 826 pp. (in Persian)
3. Blanchet, F.G., Cazelles, K., & Gravel, D. (2020). Co-occurrence is not evidence of ecological interactions. *Ecology Letters*, 23(7), 1050-1063. <https://doi.org/10.1111/ele.13525>
4. Blomquist, C.L., & Kirkpatrick, B.C. (2002). Frequency and seasonal distribution of pear psylla infected with the pear decline phytoplasma in California pear orchards. *Phytopathology*, 92(11), 1218-1226. <https://doi.org/10.1094/PHTO.2002.92.11.1218>
5. Boopathi, T., Singh, S. B., Manju, T., Ramakrishna, Y., Akoijam, R. S., Chowdhury, S., Ngachan, S. V., Waisel, Y., & Bose, A. (2015). Development of temporal modeling for forecasting and prediction of the incidence of lychee, *Tessaratoma papillosa* (Hemiptera: Tessaratomidae), using time-series (ARIMA) analysis. *Journal of Insect Science*, 15(1), 55. <https://doi.org/10.1093/jisesa/iev034>
6. Butt, B. A., Stuart, L. C., & Bell, R. L. (1989). Feeding, longevity, and development of pear psylla (Homoptera: Psyllidae) nymphs on resistant and susceptible pear genotypes. *Journal of Economic Entomology*, 82(2), 458-461. <https://doi.org/10.1093/jee/82.2.458>
7. Clark, T. J., & Luis, A. D. (2020). Nonlinear population dynamics are ubiquitous in animals. *Nature Ecology and Evolution*, 4(1), 75-81. <https://doi.org/10.5281/zenodo.3470260>
8. Damos, P. (2016). Using multivariate cross correlations, Granger causality and graphical models to quantify spatiotemporal synchronization and causality between pest populations. *BMC ecology*, 16, 1-17. <https://doi.org/10.1186/s12898-016-0087-7>
9. Damos, P. T., & Savopoulou-Soultani, M. (2010). Development and statistical evaluation of models in forecasting moth phenology of major lepidopterous peach pest complex for Integrated pest management programs. *Crop Protection*, 29(10), 1190-1199. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2010.06.022>
10. Daniel Kissling, W., Pattemore, D. E., & Hagen, M. (2014). Challenges and prospects in the telemetry of insects. *Biological Reviews*, 89(3), 511-530. <https://doi.org/10.1111/brv.12065>
11. Del Monte-Luna, P., Brook, B. W., Zetina-Rejón, M. J., & Cruz-Escalona, V. H. (2004). The carrying capacity of ecosystems. *Global Ecology and Biogeography*, 13(6), 485-495. <https://doi.org/10.1111/j.1466-822X.2004.00131.x>
12. Dennis, E. B., Kéry, M., Morgan, B. J., Coray, A., Schaub, M., & Baur, B. (2021). Integrated modelling of insect population dynamics at two temporal scales. *Ecological Modelling*, 441, 109408.

- <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2020.109408>
13. Didham, R. K., Basset, Y., Collins, C. M., Leather, S. R., Littlewood, N. A., Menz, M. H. M., Müller, J., Packer, L., Saunders, M. E., Schönrogge, K., Stewart, A. J. A., Stork, N. E., Samways, M. J., & Hassall, C. (2020). Interpreting insect declines: Seven challenges and a way forward. *Insect Conservation and Diversity*, 13(2), 103-114. <https://doi.org/10.1111/icad.12408>
  14. Dimri, T., Ahmad, S., & Sharif, M. (2020). Time series analysis of climate variables using seasonal ARIMA approach. *Journal of Earth System Science*, 129, 1-16. <https://doi.org/10.1007/s12040-020-01408-x>
  15. Dixon, P. A., Milicich, M. J., & Sugihara, G. (1999). Episodic fluctuations in larval supply. *Science*, 283(5407), 1528-1530. <https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.283.5407.1528>
  16. Erfani, J., Ebadi, A., Abdollahi, H., & Moghaddam, M. F. (2014). Evaluation of genetic diversity of some pear (*Pyrus* spp.) genotypes and species based on morphological characteristics. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 45(1), 11-21. (in Persian)
  17. Flores, J. H. F., Engel, P. M., & Pinto, R. C. (2012). Autocorrelation and partial autocorrelation functions to improve neural networks models on univariate time series forecasting. In The 2012 International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN) (pp. 1-8). IEEE. <https://doi.org/10.1109/IJCNN.2012.6252470>
  18. Forbanka, D. N., Stemele, M. A., Heshula, L. U. N. P., Dzemo, W. D., Kotey, D. A., Taruvinga, A., & Tshivhandekano, P. G. (2023). Distribution and fixed-precision sampling plans for diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae), on winter-spring cabbage. *Journal of Economic Entomology*, 116(5), 1551-1559. <https://doi.org/10.1093/jee/toad156>
  19. Heath, R. A. (2014). *Nonlinear Dynamics: Techniques and Applications in Psychology*. Psychology Press. United Kingdom. 356 pp.
  20. Henson, S. M., Costantino, R. F., Cushing, J. M., Dennis, B., & Desharnais, R. A. (1999). Multiple attractors, saddles, and population dynamics in periodic habitats. *Bulletin of Mathematical Biology*, 61, 1121-1149. <https://doi.org/10.1006/bulm.1999.0136>
  21. Hines, J., van der Putten, W. H., De Deyn, G. B., Wagg, C., Voigt, W., Mulder, C., Minden, V., Engelhardt, K., Scherber, C., & Eisenhauer, N. (2015). Towards an integration of biodiversity-ecosystem functioning and food web theory to evaluate relationships between multiple ecosystem services. In *Advances in Ecological Research Academic Press*, 53, 161-199 pp. <https://doi.org/10.1016/bs.aecr.2015.09.001>
  22. Hirano, H., & Takemoto, K. (2019). Difficulty in inferring microbial community structure based on co-occurrence network approaches. *BMC bioinformatics*, 20(1), 1-14. <https://doi.org/10.1186/s12859-019-2915-1>
  23. Kawatsu, K., Ushio, M., van Veen, F. F., & Kondoh, M. (2021). Are networks of trophic interactions sufficient for understanding the dynamics of multi-trophic communities? Analysis of a tri-trophic insect food-web time-series. *Ecology Letters*, 24(3), 543-552. <https://doi.org/10.1111/ele.13672>
  24. Kéfi, S., Miele, V., Wieters, E. A., Navarrete, S. A., & Berlow, E. L. (2016). How structured is the entangled bank? The surprisingly simple organization of multiplex ecological networks leads to increased persistence and resilience. *PLoS Biology*, 14(8), e1002527. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002527>
  25. Kim, D., Cho, M., Jeon, H., Yiem, M., & Lee, J. (2000). Population trends and temperature-dependent development of pear psylla, *Cacopsylla pyricola* (Foerster)(Homoptera: Psyllidae). *Korean Journal of Applied Entomology*, 39(2), 73-82.
  26. Liu, D., Yu, J., Macchiarella, N. D., & Vincenzi, D. A. (2008). Simulation fidelity. In Human factors in simulation and training. CRC Press, United State, pp. 91-108.
  27. Liu, S. S., Chen, F. Z., & Zalucki, M. P. (2002). Development and survival of the diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae) at constant and alternating temperatures. *Environmental Entomology*, 31(2), 221-231. <https://doi.org/10.1603/0046-225X-31.2.221>
  28. Machlitt, D. (1998). Persea mite on avocados: Quick field counting method. *Subtropical Fruit News*, 6, 1-4.
  29. Marcasan, L. I. S., Hulujan, I. B., Florian, T., Somsai, P. A., Militaru, M., Sestras, A. F., Moldovan, I. C., Crisan, I. A., Roman, I., & Sestras, R. E. (2022). The importance of assessing the population structure and biology of psylla species for pest monitoring and management in pear orchards. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 50(4), 13022. <https://doi.org/10.15835/nbha50313022>
  30. Moore, J. C., de Ruiter, P. C., McCann, K. S., Wolters, V., Gellner, G., & Serván, C. (Eds.). (2017). *Adaptive Food Webs: Stability and Transitions of Real and Model Ecosystems*. Cambridge University Press, United Kingdom. 326 pp. <https://doi.org/10.1017/9781316871867>
  31. Nelson, B. K. (1998). Time series analysis using autoregressive integrated moving average (ARIMA) models. *Academic Emergency Medicine*, 5(7), 739-744. <https://doi.org/10.1111/j.1553-2712.1998.tb02493.x>
  32. Palma, G. R., Godoy, W. A., Engel, E., Lau, D., Galvan, E., Mason, O., Souza, L. E., Ribeiro, F. T., Miranda, J. R., & Moral, R. A. (2023). Pattern-based prediction of population outbreaks. *Ecological Informatics*, 77, 102220. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2023.102220>
  33. Pasqualini, E., Civolani, S., Musacchi, S., Ancarani, V., Dondini, L., Robert, P., & Baronio, P. (2006). *Cacopsylla pyri* behaviour on new pear selections for host resistance programs. *Bulletin of Insectology*, 59(1), 27-37.



34. Sanchez, J. A., & Ortín-Angulo, M. C. (2012). Abundance and population dynamics of *Cacopsylla pyri* (Hemiptera: Psyllidae) and its potential natural enemies in pear orchards in southern Spain. *Crop Protection*, 32, 24-29. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2011.11.003>
35. Schaub, L., Graf, B., & Butturini, A. (2005). Phenological model of pear psylla *Cacopsylla pyri*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 117(2), 105-111. <https://doi.org/10.1111/j.1570-7458.2005.00339.x>
36. Scutareanu, P., Lingeman, R., Drukker, B., & Sabelis, M. W. (1999). Cross-correlation analysis of fluctuations in local populations of pear psyllids and anthocorid bugs. *Ecological Entomology*, 24(3), 354-363. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2311.1999.00199.x>
37. Shenk, T. M., White, G. C., & Burnham, K. P. (1998). Sampling-variance effects on detecting density dependence from temporal trends in natural populations. *Ecological Monographs*, 68(3), 445-463. [https://doi.org/10.1890/0012-9615\(1998\)068\[0445:SVEODD\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9615(1998)068[0445:SVEODD]2.0.CO;2)
38. Soukhovolsky, V., Kovalev, A., Ivanova, Y., & Tarasova, O. (2023). Autoregression, first order phase transition, and stochastic resonance: A comparison of three models for forest insect outbreaks. *Mathematics*, 11(19), 4212. <https://doi.org/10.3390/math11194212>
39. Stankevych, S. V., Biletskyj, Y. M., Zabrodina, I. V., Yevtushenko, M. D., Dolya, M. M., Lezhenina, I. P., Tymchyshyn, O. V., Dmytrenko, V. O., Petrova, O. M., & Klymenko, I. V. (2020). Cycle populations dynamics of harmful insects. *Ukrainian Journal of Ecology*, 10(3), 147-161. [https://doi.org/10.15421/2020\\_148](https://doi.org/10.15421/2020_148)
40. Wong, T. T., & Madsen, H. F. (1967). Laboratory and field studies on the seasonal forms of pear psylla in northern California. *Journal of Economic Entomology*, 60(1), 163-168. <https://doi.org/10.1093/jee/60.1.163>
41. Yeh, C. K., Rice, G., & Dubin, J. A. (2023). Functional spherical autocorrelation: A robust estimate of the autocorrelation of a functional time series. *Electronic Journal of Statistics*, 17(1), 650-687. <https://doi.org/10.1214/23-EJS2112>