



Mapping the distribution of remaining stands of Hyrcanian boxwood using Sentinel-2 Imagery for conservation prioritization)

Seyedeh Kosar Hamidi¹ | Hamed Aghajani^{2✉} | Zeinab Khalili³ | Hamid Jalilvand⁴

1. Department of Forest Sciences and Engineering, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran. E-mail: k.hamidi86@yahoo.com

2. Corresponding Author, Department of Forest Sciences and Engineering, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran. E-mail: h.aghajani@sanru.ac.ir

3. Department of Forest Sciences and Engineering, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran. E-mail: z.khalili923@gmail.com

4. Department of Forest Sciences and Engineering, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran. E-mail: hj_458_hj@yahoo.com

Article Info

Article type:

Research Article

Article history:

Received 26 February 2026

Received in revised form 16

June 2026

Accepted 2 July 2026

Keywords:

Boxwood blight,

Calonectria pseudonaviculata,

Conservation prioritization,

Hyrcanian boxwood,

NDVI, Sentinel-2,

SVM classification.

ABSTRACT

Hyrcanian boxwood (*Buxus hyrcana* Pojark.) is a valuable relict species from the Tertiary period in the Hyrcanian forests, playing an important role in the stability of this ecosystem. Over the past two decades, widespread decline of boxwood stands, particularly due to the box tree moth and blight disease caused by the fungus *Calonectria pseudonaviculata*, has become a serious crisis. Despite the importance of the issue, no comprehensive study has been conducted to map the distribution and conservation prioritization of the remaining stands. The present study was designed to map the distribution of remaining *B. hyrcana* stands using Sentinel-2 imagery and to prioritize conservation in three key habitats (Cheshmeh-Bolbol, Sisangan, and Shafaroud). Field sampling was conducted in summer 2025, and fungal isolates were purified on MEA culture medium. Pathogenicity was confirmed through greenhouse tests, and the fungal species was identified using ITS region sequencing. Distribution maps of the stands were prepared using supervised classification of Sentinel-2 images with Support Vector Machine (SVM) algorithm and NDVI calculation. The results showed all isolates were identified as *Calonectria pseudonaviculata* with 99–100% similarity. The area of restorable stands was estimated at 78 ha (mean NDVI= 0.55) in Cheshmeh-Bolbol, 105 ha (mean NDVI= 0.38) in Shafaroud, and 4.2 ha (mean NDVI= 0.23) in Sisangan. Conservation priorities were assigned to Cheshmeh-Bolbol, Shafaroud, and Sisangan, respectively. Overall classification accuracy ranged from 86.5% to 91.6%. This study presents, for the first time, the distribution map of remaining *B. hyrcana* stands and determines conservation priorities. The proposed methodology can be generalized to other habitats and provides a basis for restoration planning and in situ conservation of this valuable species.

Cite this article: Hamidi, S.K., Aghajani, H., Khalili, Z., & Jalilvand, H. (2025). Mapping the distribution of remaining stands of Hyrcanian boxwood using Sentinel-2 Imagery for conservation prioritization). *Journal of Natural Environment*, 79 (2), 251-266. DOI: <http://doi.org/10.22059/jne.2026.412040.2899>



Introduction

Hyrceanian boxwood (*Buxus hyrcana* Pojark.) is one of the evergreen relict species from the Tertiary period in the Hyrcanian forests of northern Iran, typically establishing dense pure or mixed stands in the understory of broadleaf trees. This long-lived species, with a lifespan of several hundred years, plays an important role in the structural and functional stability of forest ecosystems, soil stabilization, moisture retention, and the creation of diverse microhabitats. However, over the past two decades, the widespread decline of Hyrcanian boxwood stands has become one of the most serious ecological crises in the northern forests of the country. Among the threatening factors, the invasive box tree moth (*Cydalis perspectalis*) has played a dominant role, while boxwood blight disease caused by the fungus *Calonectria pseudonaviculata* acts as a synergistic agent. Despite scattered reports on the reduction of these habitats, no integrated study has yet been conducted with the aim of mapping the distribution of remaining stands and their conservation prioritization. The present study was designed and implemented to map the distribution of remaining Hyrcanian boxwood stands using Sentinel-2 imagery for conservation prioritization in three representative habitats, including Cheshmeh-Bolbol Forest Reserve in Bandar Gaz (Golestan Province), Sisangan Forest Park in Nowshahr (Mazandaran Province), and Shafarood Forest (Gilan Province). These sites were selected to cover the eastern, central, and western distribution range of boxwood in the Hyrcanian forests.

Material and Methods

To collect ground truth data and identify the causal agent, field surveys were conducted in summer 2025 (1404 Persian calendar) during the peak expression of disease symptoms, including leaf spots, stem cankers, and shoot blight. Sampling was performed using a systematic linear transect method (three 500-m transects with 200 m spacing, sampling every 50 m) from trees with visible disease symptoms. At least ten infected trees were selected from each site, and samples were collected from infected leaves and shoots. After transfer to the mycology laboratory, samples were surface-sterilized, and tissue fragments were cultured on malt extract agar (MEA) medium. Fungal isolates were purified using hyphal tip and single-spore techniques. To confirm pathogenicity, a greenhouse test was performed on healthy Hyrcanian boxwood seedlings. A spore suspension (10^6 spores mL⁻¹) prepared from purified isolates was sprayed onto leaves, while control plants were treated with sterile distilled water. The appearance of typical blight symptoms, including leaf spots and shoot blight, in inoculated seedlings within 7 to 10 days, followed by successful re-isolation of the fungus from infected tissues, fulfilled Koch's postulates. For molecular identification, genomic DNA was extracted from 10–14-day-old mycelium using the 2% CTAB method. The ITS1–5.8S–ITS2 region of nuclear ribosomal DNA was amplified using universal primers ITS4 and ITS5. PCR products of approximately 550 bp were visualized on agarose gel. Edited sequences were compared with the NCBI GenBank database using BLASTn. To map the distribution of remaining stands at the regional scale, Sentinel-2 L2A satellite imagery from 2015 and 2025 was used. After preprocessing including geometric correction and band stacking, the Normalized Difference Vegetation Index (NDVI) was calculated. Supervised classification using the Support Vector Machine (SVM) algorithm was performed with four land cover classes: healthy boxwood (remaining stands with restoration potential), dried boxwood (stands without restoration potential), other forest cover, and non-forest areas. Classification accuracy was assessed using confusion matrices, overall accuracy, and the Kappa coefficient.

Results

Pathological assessments revealed a relatively consistent symptom pattern across all three sites. Uniform fungal colonies were obtained from all cultured samples, and pathogenicity tests reproduced typical blight symptoms in inoculated seedlings within 7 to 10 days. For molecular identification, all isolates produced a fragment of approximately 550 bp in the ITS region. Sequence comparisons showed that the Iranian isolates had the highest similarity (99–100%) with validated sequences of *Calonectria pseudonaviculata*. Phylogenetic analysis also placed the isolates from this study alongside reference isolates of this species in a distinct clade with 100% bootstrap support. The results of Sentinel-2 image analysis showed that the area of remaining boxwood stands with restoration potential (crown dieback less than 30% and NDVI greater than 0.4) was 78 ha in Cheshmeh-Bolbol

(mean NDVI = 0.55), 105 ha in Shafarood (mean NDVI = 0.38), and 4.2 ha in Sisangan (mean NDVI = 0.23). Accordingly, conservation priority one was assigned to Cheshmeh-Bolbol (genetic reserve), priority two to Shafarood (continuous monitoring and gradual restoration), and priority three to Sisangan (ex-situ conservation). The overall classification accuracy ranged from 86.5% to 91.6%, and the Kappa coefficient was above 0.84 in all three regions.

Discussion and Conclusion

Overall, the results of this study for the first time provide a map of the distribution of remaining Hyrcanian boxwood stands in three key habitats and determine their conservation prioritization. The presence of the fungus *Calonectria pseudonaviculata* was conclusively confirmed in all three study sites. The integration of field pathology data, molecular tests, and satellite image analysis provides a precise and reliable framework for mapping the distribution of remaining Hyrcanian boxwood stands and conservation prioritization. The presented methodology is extendable to other boxwood habitats in the Hyrcanian forests and can serve as a basis for restoration planning and in situ conservation of this valuable species.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Ethical considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, and plagiarism, and any form of misconduct.

CRediT authorship contribution statement

All authors contributed equally to the conceptualization of the article and writing of the original and subsequent drafts.

Data availability statement

Data available on request from the authors.

Acknowledgements

The authors would like to thank anonymous reviewers for their valuable suggestions in manuscript revision. The authors also gratefully acknowledge the financial and technical support provided by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University for the approved research project (Grant No. 04-1404-05).

تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی با استفاده از تصاویر سنتینل-۲ به منظور اولویت‌بندی حفاظتی

سیده کوثر حمیدی^۱ | حامد آقاجانی^۲ | زینب خلیلی^۳ | حمید جلیوند^۴

۱. گروه علوم و مهندسی جنگل، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران. رایانامه: k.hamidi86@yahoo.com
۲. نویسنده مسئول، گروه علوم و مهندسی جنگل، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران. رایانامه: h.aghajani@sanru.ac.ir
۳. گروه علوم و مهندسی جنگل، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران. رایانامه: z.khalili923@gmail.com
۴. گروه علوم و مهندسی جنگل، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران. رایانامه: hj_458_hj@yahoo.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله پژوهشی	شمشاد هیرکانی (<i>Buxus hyrcana</i> Pojark.) گونه‌ای ارزشمند و بازممانده از دوران سوم زمین‌شناسی در جنگل‌های هیرکانی است که نقش مهمی در پایداری این بوم‌سازگان دارد. طی دو دهه اخیر، زوال گسترده توده‌های شمشاد به‌ویژه بر اثر آفت شب‌پره برگ‌خوار و بیماری بلایت ناشی از قارچ <i>Calonectria pseudonaviculata</i> به‌بحرانی جدی تبدیل شده است. با وجود اهمیت موضوع، مطالعه‌ای جامع برای تهیه نقشه پراکنش و اولویت‌بندی حفاظتی توده‌های باقیمانده انجام نشده است. پژوهش حاضر با هدف تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی با استفاده از تصاویر سنتینل-۲ و اولویت‌بندی حفاظتی در سه رویشگاه شاخص (چشمه‌بلبل، سی‌سنگان و شفارود) طراحی شد. نمونه‌برداری میدانی در تابستان ۱۴۰۴ انجام و جدایه‌های قارچی با کشت روی محیط MEA خالص‌سازی شدند. بیماری‌زایی با آزمون گلخانه‌ای تأیید و گونه قارچ با استفاده از توالی‌یابی ناحیه ITS شناسایی گردید. نقشه پراکنش توده‌ها با طبقه‌بندی نظارت‌شده تصاویر سنتینل-۲ با الگوریتم ماشین بردار پشتیبان (SVM) و محاسبه شاخص NDVI تهیه شد. نتایج نشان داد تمامی جدایه‌ها با شباهت ۹۹-۱۰۰٪ به‌عنوان <i>Calonectria pseudonaviculata</i> شناسایی شدند. سطح توده‌های قابل احیا در چشمه‌بلبل ۷۸ هکتار (میانگین NDVI برابر ۰/۲۳) برآورد شد. شفارود ۱۰۵ هکتار (میانگین NDVI برابر ۰/۳۸) و در سی‌سنگان ۴/۲ هکتار (میانگین NDVI برابر ۰/۲۳) برآورد شد. اولویت‌بندی حفاظتی به‌ترتیب به چشمه‌بلبل، شفارود و سی‌سنگان تعلق گرفت. دقت کلی طبقه‌بندی بین ۸۶/۵ تا ۹۱/۶ درصد بود. این پژوهش برای اولین بار نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی را ارائه داده و اولویت‌های حفاظتی را مشخص می‌کند. روش‌شناسی ارائه‌شده قابل تعمیم به سایر رویشگاه‌ها بوده و مبنایی برای برنامه‌ریزی احیا و حفاظت از این گونه ارزشمند فراهم می‌آورد.
کلیدواژه‌ها: اولویت‌بندی حفاظتی، بلایت شمشاد، شمشاد هیرکانی، طبقه‌بندی SVM <i>Calonectria pseudonaviculata</i> NDVI Sentinel-2	

استناد: حمیدی، سیده کوثر؛ آقاجانی، حامد؛ خلیلی، زینب؛ و جلیوند، حمید (۱۴۰۵). تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی با استفاده از تصاویر

سنتینل-۲ به‌منظور اولویت‌بندی حفاظتی. محیط زیست طبیعی، ۷۹ (۲)، ۲۶۶-۲۵۱.

DOI: <http://doi.org/10.22059/jne.2026.412040.2899>



© نویسندگان.

ناشر: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران.

مقدمه

جنگل‌های هیرکانی، به‌عنوان یکی از قدیمی‌ترین و ارزشمندترین بوم‌سازگان‌های جنگلی جهان، میراث‌دار گونه‌های گیاهی منحصربه‌فردی از دوران ترشیاری (سوم زمین‌شناسی) هستند. در این میان، شمشاد هیرکانی (*Buxus hyrcana* Pojark.) به‌عنوان گونه‌ای پهن‌برگ، همیشه‌سبز و بازمانده از این دوره، جایگاه ویژه‌ای در ساختار و عملکرد این جنگل‌ها دارد (Marvei, 2011). دیرزیستی بالا (بیش از ۵۰۰ سال) و توانایی شکل‌دهی توده‌های خالص یا آمیخته در زیرآشکوب، این گونه را به یکی از عناصر کلیدی در پایداری بوم‌سازگان و حفاظت از خاک منطقه تبدیل کرده است (Sabeti, 1976). پراکنش طبیعی این گونه ارزشمند، اگرچه با وسعتی حدود ۴۲ هزار هکتار از آستارا تا گلستان گزارش شده، اما همواره تحت تأثیر دخالت‌های انسانی و عوامل محیطی قرار داشته است (Khazaeli et al., 2015; Zamani et al., 2024).

در دهه‌های اخیر، رویشگاه‌های شمشاد هیرکانی با تهدیدی بی‌سابقه و ترکیبی مواجه شده‌اند. مهمترین و مخرب‌ترین عامل، آفت مهاجم شب‌پره برگ‌خوار شمشاد (*Cydalis perspectalis*) است که با قدرت تکثیر و انتشار بالا (Rezaei et al., 2012)، در سال‌های اخیر نقش غالب در زوال گسترده داشته است. در کنار آن، بیماری‌های شمشاد ناشی از قارچ *Calonectria pseudonaviculata* نیز به‌عنوان عامل هم‌افزا عمل می‌کند (Khazaeli et al., 2015). برآوردها حاکی از نابودی حدود ۴۰ میلیون اصله درخت با قدمت ۲۰۰ تا ۳۰۰ سال است که این گونه را عملاً در آستانه انقراض و در فهرست گونه‌های در معرض خطر قرار داده است (Jalili and Jamzad, 1999; Rasouli et al., 2020). پیامدهای ناگوار این زوال، فراتر از کاهش تنوع زیستی بوده و ثبات کل بوم‌سازگان جنگلی را تحت تأثیر قرار داده است. تغییر در ترکیب و ساختار زیرآشکوب، افزایش جمعیت آفات چوب‌خوار و پوست‌خوار ثانویه (Mafi et al., 2019)، تسریع فرسایش خاک و افزایش آسیب‌پذیری جنگل در برابر سایر تنش‌ها (Kiadaliri et al., 2019)، تنها بخشی از این پیامدهای زنجیره‌ای است. در چنین شرایط بحرانی، شناسایی دقیق توده‌های باقیمانده و تهیه نقشه پایه از آنها برای اولویت‌بندی حفاظتی آنها به‌عنوان نخستین و ضروری‌ترین گام در برنامه‌های احیا و حفاظت از این گونه ارزشمند محسوب می‌شود (Kaviani et al., 2021; Kargar et al., 2021). پایش سلامت جنگل‌ها با روش‌های سنتی و میدانی، علیرغم دقت بالقوه، با چالش‌های اساسی نظیر هزینه‌بر بودن، زمان‌بر بودن و محدودیت ذاتی در دسترسی به مناطق صعب‌العبور مواجه است (Hamidi et al., 2019). در مقابل، فناوری سنجش از دور با فراهم‌آوردن دیدی یکپارچه، به‌هنگام و وسیع از سطح جنگل‌ها، به ابزاری کارآمد و اجتناب‌ناپذیر در این حوزه تبدیل شده است (Linderman et al., 2004; Wulder et al., 2006; Nazariani et al., 2022; Hamidi et al., 2023). تصاویر ماهواره‌ای با ثبت تغییرات بازتاب طیفی تاج درختان، امکان جداسازی توده‌های با سرزندگی متفاوت و تهیه نقشه پراکنش آنها را فراهم می‌آورند (Wulder et al., 2008). در این زمینه، مطالعات متعدد کارایی بالای شاخص‌های طیفی مانند NDVI و روش‌های طبقه‌بندی پیشرفته را در برآورد وضعیت پوشش گیاهی و شناسایی توده‌های سالم تأیید کرده‌اند (Wilfong et al., 2009; Tuanmu et al., 2010; Ghavidel et al., 2021).

با وجود پتانسیل بالای سنجش از دور، تاکنون مطالعه‌ای که به‌صورت ترکیبی از تأیید مولکولی عامل بیماری‌های بلایت و تحلیل تصاویر ماهواره‌ای برای تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد و اولویت‌بندی حفاظتی آنها در مقیاس چنداستانی انجام شده باشد، صورت نگرفته است. ارائه چارچوبی عملیاتی و تکرارپذیر برای شناسایی کانون‌های با قابلیت احیا، نوآوری اصلی پژوهش حاضر محسوب می‌شود. لازم به ذکر است که اگرچه آفت شب‌پره برگ‌خوار در سال‌های اخیر نقش غالب در زوال شمشاد داشته است، تمرکز این پژوهش بر شناسایی مولکولی قارچ *Calonectria pseudonaviculata* و تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده است. تفکیک کمی سهم هر یک از این دو عامل در زوال، هدف این مطالعه نمی‌باشد. بنابراین، پژوهش حاضر با هدف اصلی تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی با استفاده از تصاویر سنتینل-۲ به‌منظور اولویت‌بندی حفاظتی در سه رویشگاه شاخص از جنگل‌های هیرکانی (چشمه‌بلبل در استان گلستان، سی‌سنگان در استان مازندران و سفارود در استان گیلان) طراحی و اجرا شده است. برای این منظور، از سری زمانی تصاویر ماهواره Sentinel-2 و اعتبارسنجی میدانی مبتنی بر شناسایی مولکولی عامل بیماری‌های بلایت استفاده گردید. خروجی نهایی این پژوهش، نقشه‌هایی از پراکنش توده‌های

باقیمانده به همراه اولویت بندی حفاظتی است که می تواند مبنایی برای برنامه ریزی احیا و حفاظت در جای این گونه ارزشمند قرار گیرد.

روش شناسی پژوهش

منطقه مطالعه: پژوهش حاضر در سه رویشگاه شاخص و اصلی شمشاد هیرکانی در جنگل های هیرکانی انجام شد که به ترتیب ذخیره گاه جنگلی چشمه بلبل، بندرگز (استان گلستان) معرف بخش های شرقی هیرکانی، پارک جنگلی سی سنگان، نوشهر (استان مازندران) معرف ناحیه مرکزی هیرکانی و جنگل سفارود (استان گیلان) معرف غربی این ناحیه رویشی هستند. این مناطق با هدف پوشش طیف وسیعی از شرایط بوم شناختی از جمله تفاوت های اقلیمی (از مرطوب تا نیمه مرطوب)، دامنه ارتفاعی (از ۱۰۰- تا ۱۰۰۰+ متر از سطح دریا) و شدت های مختلف آلودگی به بیماری بلایت انتخاب شدند. این تنوع، امکان تحلیل الگوهای مکانی زوال شمشاد و مقایسه تطبیقی وضعیت سلامت توده ها را در مقیاس استانی فراهم می سازد.

نمونه برداری میدانی، جداسازی و شناسایی عامل بیماری: به منظور تهیه داده های مرجع زمینی (Ground Truth) و تأیید مولکولی عامل بیماری، نمونه برداری به روش ترانسکت خطی سیستماتیک انجام شد. در هر رویشگاه، ۳ ترانسکت به طول ۵۰۰ متر با جهت عمود بر شیب عمومی (شمالی-جنوبی) و فاصله حداقل ۲۰۰ متر از یکدیگر مستقر گردید. روی هر ترانسکت، هر ۵۰ متر (در مجموع ۱۰ نقطه نمونه برداری)، نزدیک ترین درخت شمشاد دارای علائم مشهود بیماری (لکه برگ، ساقه و خشکیدگی سرشاخه) انتخاب شد. در مجموع از هر رویشگاه ۱۰ درخت آلوده (۳۰ درخت در کل سه رویشگاه) نمونه برداری گردید. لازم به ذکر است که در این پژوهش، پایش مستقیم و سیستماتیک جمعیت آفت شب پره شمشاد (*Cydalis perspectalis*) انجام نشده است و کلیه نتیجه گیری ها در مورد نقش آفت براساس منابع پیشین و مشاهدات کیفی میدانی می باشد.



شکل ۱- انتقال سرشاخه شمشاد به محیط کشت

Figure 1. Transfer of *Buxus hyrcana* twigs to culture medium

جداسازی و خالص سازی قارچ: نمونه های جمع آوری شده بلافاصله به آزمایشگاه بیماری شناسی گیاهی منتقل شدند. پس از شستشو با آب مقطر سترون، قطعات کوچک (۳-۵ میلی متری) از محل اتصال بافت سالم و آلوده برش داده شدند. سطح قطعات با اتانول ۷۰ درصد (۳۰ ثانیه) و هیپوکلریت سدیم ۲ درصد (۶۰ ثانیه) ضد عفونی و سپس سه بار با آب مقطر سترون شستشو داده

شدند. نمونه‌های ضد عفونی شده روی محیط کشت عصاره مالت-آگار (MEA) (مرک، آلمان) حاوی آنتی‌بیوتیک کلرامفنیکل (۵۰ میلی گرم در لیتر) کشت و در دمای ۲۵ درجه سلسیوس و دوره نوری ۱۲ ساعت تاریکی/۱۲ ساعت نور قرار داده شدند. خالص سازی جدایه‌های قارچی با استفاده از روش نوک ریشه و تک‌اسپور انجام گرفت. **اثبات بیماری‌زایی (اصل کخ):** به منظور تأیید بیماری‌زایی جدایه‌های خالص شده، آزمون بیماری‌زایی روی نهال‌های سالم شمشاد هیرکانی (۲۰-۳۰ سانتی متری) در شرایط گلخانه انجام شد. سوسپانسیون اسپور جدایه‌ها با غلظت 10^6 اسپور در میلی لیتر روی برگ‌های نهال‌ها اسپری شد. نهال‌های شاهد با آب مقطر سترون تیمار شدند. همه نهال‌ها به مدت ۴۸ ساعت در شرایط رطوبت اشباع قرار گرفتند و سپس تا ظهور علائم در گلخانه با دمای ۲۵-۲۲ درجه سلسیوس نگهداری شدند. پس از بروز علائم، قارچ مجدداً از بافت‌های آلوده جداسازی و با جدایه اصلی مقایسه شد تا اصل کخ به طور کامل رعایت گردد.

استخراج DNA و شناسایی مولکولی

استخراج DNA: استخراج DNA ژنومی از توده میسلیمی ۱۴-۱۰ روزه جدایه‌ها با استفاده از روش CTAB ۲ درصد (Murray and Thompson, 1980) با اصلاحات جزئی انجام شد. کیفیت و کمیت DNA استخراج شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۱ درصد و اسپکتروفتومتر نانودراپ (Thermo Scientific, USA) بررسی شد.



شکل ۲- انتقال برگ شمشاد به محیط کشت و تست بیماری‌زایی

Figure 2. Transfer of *Buxus hyrcana* leaves to culture medium and pathogenicity test

تکثیر و تعیین توالی ناحیه ITS: به منظور شناسایی مولکولی، ناحیه ITS1-5.8S-ITS2 از DNA ریبوزومی هسته با استفاده از آغازگرهای عمومی (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') ITS4 و (5'-) ITS5 (GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3' (White et al., 1990) تکثیر شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر حاوی ۱/۲ میکرولیتر DNA الگو، ۱۲/۵ میکرولیتر مسترمیکس ۲ (Ampliqon, Denmark) ×، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر (۱۰ پیکومول) و ۹/۵ میکرولیتر آب مقطر سترون انجام گرفت. برنامه دمایی ترموسایکلر شامل: ۵ دقیقه واسرشت‌سازی اولیه در ۹۴ درجه سلسیوس، ۳۵ چرخه (۴۵ ثانیه ۹۴ درجه، ۵۰ ثانیه ۵۵ درجه، ۱ دقیقه ۷۲ درجه) و گسترش نهایی به مدت ۱۰ دقیقه در ۷۲ درجه سلسیوس بود. محصولات PCR روی ژل آگارز ۱/۵ درصد الکتروفورز و با استفاده از دستگاه ژل داک مستندسازی شدند.

آنالیز فیلوژنتیکی: محصولات PCR دارای باند واضح برای تعیین توالی به شرکت ماکروژن (کره جنوبی) ارسال شدند. توالی‌های به‌دست‌آمده با استفاده از نرم‌افزار BioEdit ویرایش و با توالی‌های موجود در پایگاه داده (NCBI) (GenBank) با استفاده از ابزار BLASTn مقایسه شدند. همدردی چندگانه توالی‌ها با نرم‌افزار ClustalW انجام و با استفاده از نرم‌افزار MEGA 11 بررسی شدند (Tamura et al., 2021). شناسایی گونه‌ای جدایه‌ها براساس بیشترین درصد شباهت (بیش از ۹۹ درصد) و موقعیت فیلوژنتیکی آنها در کنار توالی‌های معتبر گونه‌های *Calonectria pseudonaviculata* صورت گرفت.

داده‌های ماهواره‌ای و پیش‌پردازش

اخذ تصاویر ماهواره‌ای: در این پژوهش از تصاویر ماهواره Sentinel-2 سطح تصحیح‌شده L2A متعلق به سال‌های ۲۰۱۵ و ۲۰۲۵ استفاده شد. این تصاویر از پایگاه داده سازمان فضایی اروپا (ESA) از طریق سامانه Copernicus Open Access Hub اخذ گردیدند. تصاویر مربوط به فصل رشد (ماه‌های ژوئن تا سپتامبر) انتخاب شدند تا حداکثر تمایز طیفی پوشش گیاهی فراهم شود. معیار انتخاب تصاویر، داشتن حداکثر ۱۰ درصد پوشش ابر در محدوده مناطق مورد مطالعه بود.

پیش‌پردازش تصاویر

- تمامی مراحل پیش‌پردازش و پردازش تصاویر در نرم‌افزار ENVI 5.6 (L3Harris, USA) انجام شد:
- تصحیح رادیومتریک: با توجه به دریافت داده‌ها در سطح L2A (تصحیح‌شده اتمسفریک)، نیاز به تصحیح رادیومتریک مجدد نبود. با این حال، مقیاس‌گذاری مقادیر بازتاب به محدوده ۰ تا ۱ بررسی و تأیید شد.
 - تصحیح هندسی: تصاویر با استفاده از نقاط کنترل زمینی (حداقل ۲۰ نقطه) و نقشه‌های توپوگرافی ۱:۲۵۰۰۰ سازمان نقشه‌برداری کشور، با خطای RMS کمتر از ۰/۵ پیکسل تصحیح هندسی شدند.
 - ادغام باندها: چهار باند با قدرت تفکیک مکانی ۱۰ متر (باند ۲: آبی، باند ۳: سبز، باند ۴: قرمز، باند ۸: مادون قرمز نزدیک) به صورت فایل‌های چندبندی (Stack) درآمده و برای پردازش‌های بعدی آماده شدند.
 - محدوده مورد مطالعه: تصاویر با استفاده از مرز محدوده‌های اداری-جنگلی مناطق مورد مطالعه برش (Subset) داده شدند (Nazariani et al., 2022).

محاسبه شاخص‌های طیفی و طبقه‌بندی

محاسبه شاخص NDVI: شاخص متفاوت نرمال‌شده پوشش گیاهی (NDVI) به منظور کمی‌سازی وضعیت سلامت و تراکم پوشش گیاهی براساس رابطه زیر محاسبه شد (Rouse et al., 1974):

$$NDVI = (NIR - Red) / (NIR + Red)$$

که در آن NIR بازتاب باند ۸ (مادون قرمز نزدیک) و Red بازتاب باند ۴ (قرمز) تصاویر Sentinel-2 است. مقادیر NDVI در بازه ۱- تا ۱+ قرار داشته و مقادیر بالاتر نشان‌دهنده پوشش گیاهی سالم‌تر و متراکم‌تر است (Hamidi et al., 2023).

طبقه‌بندی نظارت‌شده: به منظور استخراج نقشه پراکنش توده‌های شمشاد و تفکیک آنها از سایر پوشش‌ها، از روش طبقه‌بندی نظارت‌شده با الگوریتم ماشین بردار پشتیبان (Support Vector Machine-SVM) با هسته خطی استفاده شد. چهار کلاس پوششی اصلی شمشاد با تاج سالم (توده‌های باقیمانده با قابلیت احیا)، شمشاد خشکیده (توده‌های بدون قابلیت احیا)، سایر پوشش‌های جنگلی و مناطق بدون پوشش جنگلی تعریف شد. شایان ذکر است که در این پژوهش، کلاس «شمشاد با تاج سالم»

معادل توده‌هایی با NDVI بالاتر از ۰/۴ و خشکیدگی تاج کمتر از ۳۰ درصد در نظر گرفته شد که هدف نهایی اولویت‌بندی حفاظتی را پوشش می‌دهد. حد آستانه NDVI معادل ۰/۴ براساس مشاهدات میدانی نویسندگان و تطابق آن با محدوده‌های پیشنهادی NDVI و مطالعات پیشین تعیین گردید.

نمونه‌های تعلیمی و اعتبارسنجی: نمونه‌های تعلیمی (Training Samples) برای هر کلاس براساس داده‌های میدانی ثبت‌شده با GPS (حداقل ۵۰ پیکسل برای هر کلاس) و همچنین با استفاده از تفسیر بصری تصاویر با قدرت تفکیک بالا در Google Earth انتخاب شدند. نمونه‌ها به دو گروه آموزشی (۷۰ درصد) و اعتبارسنجی (۳۰ درصد) تقسیم شدند.

ارزیابی دقت: دقت نقشه‌های طبقه‌بندی‌شده با استفاده از ماتریس خطا (Confusion Matrix) و محاسبه معیارهای دقت کلی (Overall Accuracy)، دقت تولیدکننده (Producer's Accuracy)، دقت کاربر (User's Accuracy) و ضریب کاپا (Kappa Coefficient) ارزیابی گردید (Congalton, 1991). ضریب کاپا به‌عنوان معیاری برای اندازه‌گیری توافق بین داده‌های طبقه‌بندی‌شده و داده‌های مرجع، پس از حذف اثرات تصادفی محاسبه شد.

یافته‌های پژوهش

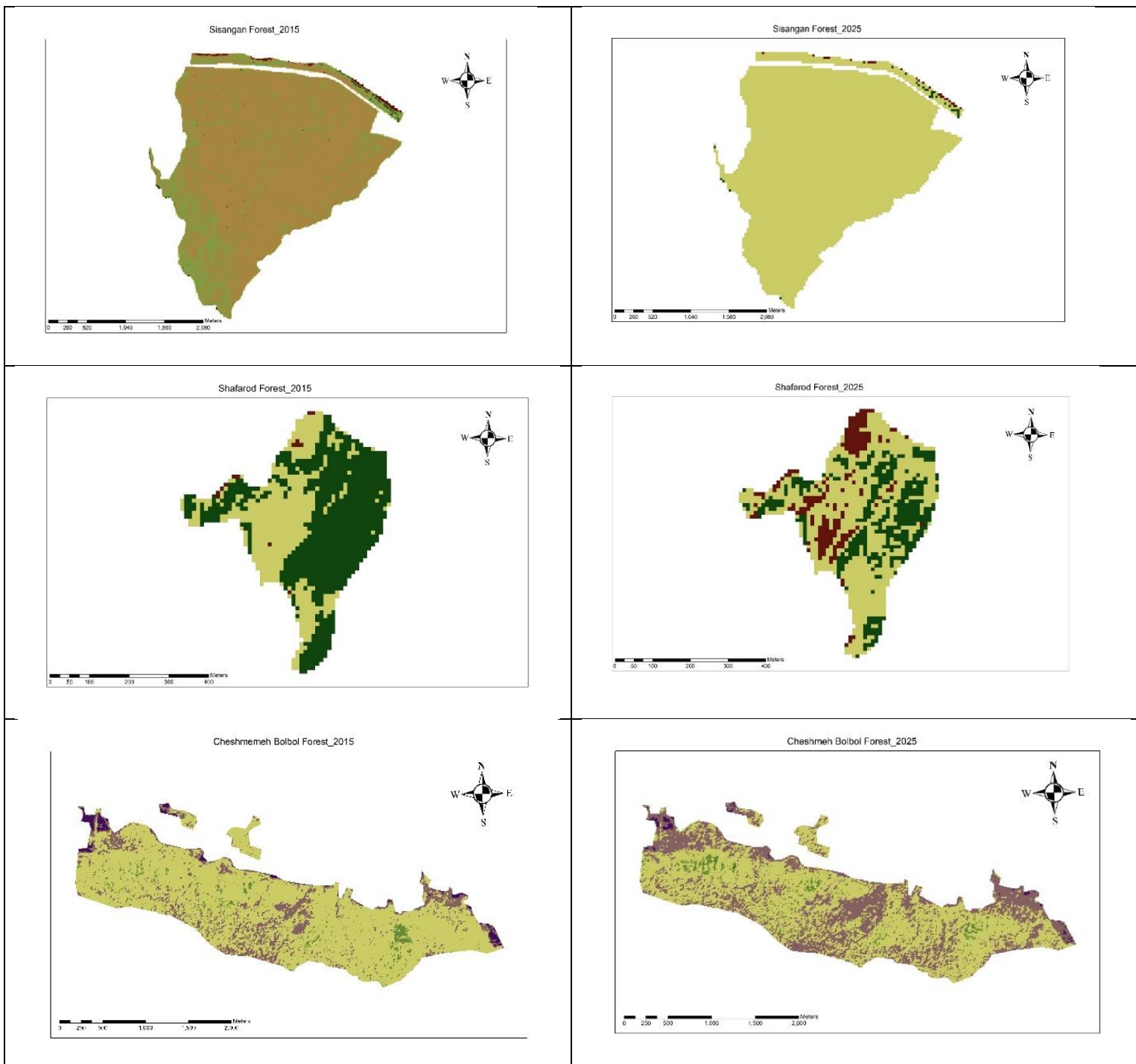
تأیید مولکولی عامل بیماری بلایت شمشاد: پس از کشت و خالص‌سازی نمونه‌های برداشت‌شده از رویشگاه‌های آلوده، جدایه‌های قارچی با پرگنه‌های سفید تا کرم‌رنگ و تولیدکننده کینیدی‌وفور و کینیدیوم‌های مشخص جداسازی شدند. آزمون بیماری‌زایی روی نهال‌های سالم، علائم مشابه لکه‌برگی و بلایت سرشاخه را در تمامی نهال‌های مایه‌زنی‌شده ایجاد کرد و قارچ مجدداً از آنها جداسازی شد، بدین‌ترتیب اصل کخ تأیید گردید. تکثیر ناحیه ITS با استفاده از آغازگرهای ITS4/ITS5 در تمامی جدایه‌های مورد بررسی، یک قطعه DNA به اندازه تقریبی ۵۵۰ جفت‌باز تولید کرد. مقایسه توالی‌های به‌دست‌آمده با پایگاه داده NCBI از طریق BLASTn نشان داد که توالی‌های جدایه‌های ایرانی بیشترین شباهت (۹۹-۱۰۰ درصد) را با توالی‌های معتبر گونه *Calonectria pseudonaviculata* دارند. آنالیز فیلوژنتیکی نیز جدایه‌های این مطالعه را در کنار جدایه‌های مرجع این گونه در یک کلاد مجزا با حمایت بوت‌استرپ بالا (۱۰۰ درصد) قرار داد. بدین‌ترتیب، عامل بیماری بلایت شمشاد در تمامی سه رویشگاه مورد مطالعه، قارچ *C. pseudonaviculata* شناسایی و تأیید شد.

پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد و اولویت‌بندی حفاظتی: نتایج حاصل از طبقه‌بندی نظارت‌شده تصاویر ماهواره Sentinel-2 در سال ۲۰۲۵ نشان داد که توده‌های باقیمانده شمشاد با قابلیت احیا (معادل درختانی با خشکیدگی تاج کمتر از ۳۰ درصد و NDVI بیشتر از ۰/۴) در رویشگاه‌های مورد مطالعه به‌ترتیب شامل ۷۸ هکتار در چشمه‌بلبل (استان گلستان)، ۱۰۵ هکتار در شفارود (استان گیلان) و ۴/۲ هکتار در سی‌سنگان (استان مازندران) می‌باشد (جدول ۱ و شکل ۳). این مساحت‌ها در مقایسه با سطح اولیه توده‌ها در سال ۲۰۱۵ (به‌ترتیب ۱۵۲، ۴۱۸ و ۳۲۵ هکتار) نشان‌دهنده کاهش ۴۸/۷، ۷۴/۹ و ۹۸/۷ درصدی است که شدت فاجعه را نمایان می‌سازد. براساس سطح توده‌های باقیمانده و میانگین شاخص NDVI هر رویشگاه، اولویت‌بندی حفاظتی به‌صورت چشمه‌بلبل در اولویت یک، شفارود در اولویت دو و سی‌سنگان در اولویت سه تعیین گردید (جدول ۱). نقشه پراکنش (شکل ۳) به‌وضوح نشان می‌دهد که توده‌های باقیمانده در چشمه‌بلبل عمدتاً متمرکز و با تراکم نسبتاً خوب، در شفارود به‌صورت لکه‌ای و ناهمگن و در سی‌سنگان به‌صورت لکه‌های بسیار کوچک، پراکنده و ناپیوسته استقرار یافته‌اند.

جدول ۱- سطح توده‌های باقیمانده شمشاد با قابلیت احیا و اولویت‌بندی حفاظتی در رویشگاه‌های مورد مطالعه (سال ۲۰۲۵)

Table 1. Area of remaining *Buxus hyrcana* stands with rehabilitation potential and conservation prioritization in the studied habitats (2025)

رویشگاه	سطح توده باقی‌مانده (هکتار)	میانگین NDVI	اولویت حفاظتی	استراتژی پیشنهادی
چشمه‌بلبل گلستان	78	0.55	اولویت یک	ذخیره‌گاه ژنتیکی-حفاظت درجا
شفارود گیلان	105	0.38	اولویت دو	پایش مستمر و احیای تدریجی
سی‌سنگان مازندران	4.2	0.23	اولویت سه	حفاظت خارج از رویشگاه (بانک ژن)



شکل ۳- نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی در سه رویشگاه مورد مطالعه (سال ۲۰۲۵)
Figure 3. Distribution map of remaining *Buxus hyrcana* stands in the three studied habitats (2025)

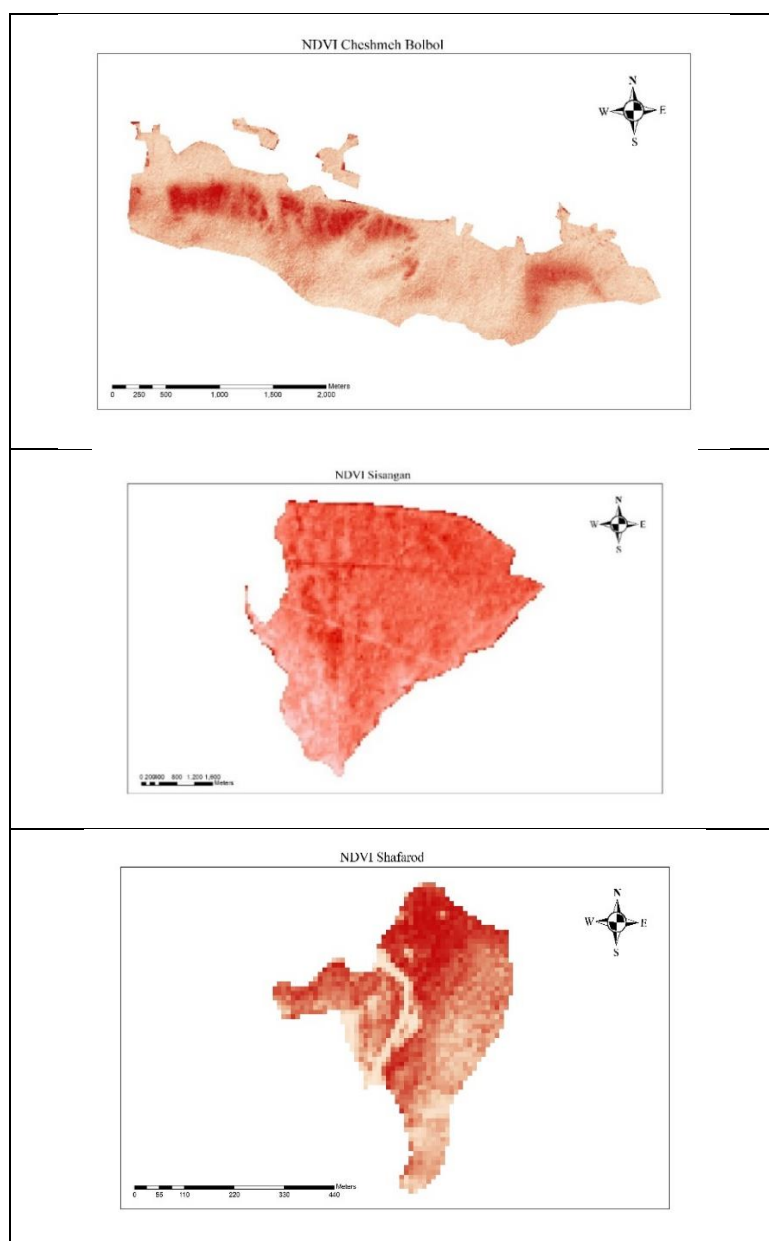
تحلیل شاخص NDVI به‌عنوان شاخص سلامت توده‌ها: مقایسه نقشه‌های NDVI استخراج شده از تصاویر سال ۲۰۲۵ (شکل ۴) تفاوت معنی‌داری را در وضعیت سلامت پوشش گیاهی بین رویشگاه‌ها نشان داد که با نتایج طبقه‌بندی سطح همخوانی کامل داشت. محدوده مقادیر NDVI و میانگین آن برای هر رویشگاه در جدول ۲ ارائه شده است. در رویشگاه سی‌سنگان، پهنه‌های وسیعی دارای مقادیر NDVI پایین (کمتر از ۰/۲) هستند و میانگین NDVI در این منطقه $(0/23 \pm 0/16)$ پایین‌ترین مقدار را در بین سه رویشگاه دارا بود که نشان‌دهنده پراکندگی بسیار محدود توده‌های باقیمانده است. در رویشگاه شفارود، الگوی NDVI ناهمگن بوده و لکه‌هایی با NDVI پایین در مجاورت نواحی با NDVI بالاتر (توده‌های نسبتاً سالم) مشاهده می‌شود.

NDVI میانگین در این منطقه (0.38 ± 0.21) وضعیت متوسط سلامت را نشان می‌دهد. در رویشگاه چشمه‌بلبل، مقادیر NDVI به‌طور نسبی بالاتر بوده و آن (0.55 ± 0.19) بیشترین مقدار را در بین مناطق مورد مطالعه داشت. نواحی با NDVI پایین در این رویشگاه محدود و متمرکز بوده که نشان‌دهنده تمرکز توده‌های باقیمانده با قابلیت احیا در بخش‌های خاصی از این رویشگاه است (جدول ۲ و شکل ۴).

جدول ۲- آماره‌های توصیفی شاخص NDVI در رویشگاه‌های مورد مطالعه (سال ۲۰۲۵)

Table 2. Descriptive statistics of NDVI in the studied habitats (2025)

رویشگاه	انحراف معیار	NDVI میانگین	حداکثر NDVI	حداقل NDVI
سی‌سنگان مازندران	0.16	0.23	0.52	-0.05
شفارود گیلان	0.21	0.38	0.68	-0.02
چشمه‌بلبل گلستان	0.19	0.55	0.75	0.08



شکل ۴- مقایسه نقشه‌های NDVI استخراج‌شده از تصاویر سال ۲۰۲۵ در رویشگاه‌های مورد مطالعه

Figure 4. Comparison of NDVI maps extracted from 2025 imagery across the studied habitats

ارزیابی دقت طبقه‌بندی: ارزیابی دقت نقشه‌های طبقه‌بندی شده با استفاده از ۳۰ درصد داده‌های میدانی (در مجموع ۲۵۰ نقطه) نشان داد که الگوریتم ماشین بردار پشتیبان (SVM) از دقت بالایی در تفکیک کلاس‌های پوششی برخوردار بوده است. مقادیر دقت کلی (Overall Accuracy) و ضریب کاپا (Kappa Coefficient) برای هر سه رویشگاه در جدول ۳ ارائه شده است. بالاترین دقت کلی مربوط به نقشه طبقه‌بندی رویشگاه سی‌سنگان (۹۱/۶ درصد) و پایین‌ترین آن مربوط به رویشگاه شفارود (۸۶/۵ درصد) بود که همچنان در محدوده قابل قبول (بالای ۸۵ درصد) قرار دارد. این نتایج، قابلیت بالای تصاویر Sentinel-2 و روش طبقه‌بندی به‌کاررفته را در تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد و اولویت‌بندی حفاظتی در جنگل‌های هیرکانی تأیید می‌کند.

جدول ۳- معیارهای ارزیابی دقت طبقه‌بندی برای رویشگاه‌های مورد مطالعه

Table 3. Classification accuracy assessment criteria for the studied habitats

ضریب کاپا	دقت کلی (درصد)	رویشگاه
0.90	91.6	سی‌سنگان مازندران
0.84	86.5	شفارود گیلان
0.86	88.7	چشمه‌بلبل گلستان

بحث

نتایج این پژوهش برای اولین بار تصویری کمی و مکان‌مند از پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی در سه رویشگاه شاخص جنگل‌های هیرکانی ارائه داد. سطح توده‌های باقیمانده با قابلیت احیا (خشکیدگی تاج کمتر از ۳۰ درصد) در رویشگاه‌های مورد مطالعه بین ۴/۲ هکتار در سی‌سنگان تا ۱۰۵ هکتار در شفارود و ۷۸ هکتار در چشمه‌بلبل متغیر بود. اگرچه این ارقام در مقایسه با سطح اولیه توده‌ها در سال ۲۰۱۵ کاهش چشمگیری را نشان می‌دهد (بین ۴۸/۷ تا ۹۸/۷ درصد)، اما تأکید اصلی این پژوهش بر شناسایی کانون‌های باقیمانده به‌عنوان پایه‌ای برای اولویت‌بندی حفاظتی است. این یافته‌ها با گزارش‌های پیشین مبنی بر نابودی حدود ۴۰ میلیون اصله درخت شمشاد در جنگل‌های شمال کشور (Rasouli et al., 2020) همخوانی داشته و برای اولین بار نقشه پراکنش توده‌های قابل احیا را در سه رویشگاه کلیدی ارائه می‌دهد. تفاوت‌های مکانی در سطح توده‌های باقیمانده یکی از مهم‌ترین یافته‌های این پژوهش است. رویشگاه سی‌سنگان (مازندران) با تنها ۴/۲ هکتار توده باقیمانده، کمترین سطح را در بین سه رویشگاه دارا بود. این تفاوت را می‌توان به عوامل متعددی نسبت داد. به‌نظر می‌رسد رویشگاه‌های واقع در ارتفاعات پایین‌تر و نزدیک‌تر به مراکز جمعیتی، مانند سی‌سنگان، به‌دلیل دسترسی‌پذیری بیشتر و شرایط مساعدتر برای استقرار و همه‌گیری آفات (مانند شب‌پره برگ‌خوار)، آسیب‌پذیری بیشتری داشته‌اند. در مقابل، بقای بیشتر توده‌های شمشاد در چشمه‌بلبل (گلستان) با ۷۸ هکتار توده باقیمانده، ممکن است به‌دلیل شرایط اقلیمی خاص، موقعیت جغرافیایی یا وجود تنوع ژنتیکی با سطوح تحمل‌پذیری بالاتر نسبت به بیماری بلایت باشد. همان‌طور که Mirmiran و همکاران (۲۰۲۴) نشان دادند، اگرچه هیچ پایه شمشادی کاملاً مقاوم به بیماری بلایت در رویشگاه‌های هیرکانی یافت نشده است، اما برخی جمعیت‌ها (Accessions) حساسیت کمتری نسبت به این بیماری نشان می‌دهند. این یافته مؤید آن است که تفاوت‌های ژنتیکی درون‌گونه‌ای می‌تواند نقش مهمی در الگوی بقای توده‌ها ایفا کند و رویشگاه چشمه‌بلبل احتمالاً میزبان چنین تنوع ژنتیکی ارزشمندی است که به عنوان اولویت یک حفاظتی معرفی می‌گردد. نوآوری اصلی این پژوهش، فراتر از کمی‌سازی زوال، ارائه نقشه کاربردی برای حفاظت است. در شرایطی که بیش از ۹۰ درصد توده‌های شمشاد برخی مناطق (مانند سی‌سنگان) نابود شده‌اند، شناسایی کانون‌های باقیمانده (حتی به مساحت ۴/۲ هکتار در سی‌سنگان) از نظر حفاظت از ژنوتیپ‌های متحمل، ارزشی فراتر از سطح آن‌ها دارد. روش ارائه‌شده در این پژوهش می‌تواند به‌عنوان یک دستورالعمل ملی برای پایش سالانه این گونه در آستانه انقراض به‌کار گرفته شود و توسط سازمان جنگل‌ها، مراتع و آبخیزداری کشور برای تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده در کل وسعت جنگل‌های هیرکانی مورد استفاده قرار گیرد. الگوی گسترش زوال به روشنی تابع قاعده همسایگی (proximity rule) بود. مشاهدات میدانی و تحلیل نقشه‌های ماهواره‌ای نشان داد که کانون‌های اولیه آلودگی در مجاورت توده‌های آلوده قبلی گسترش

یافته‌اند و زوال به‌صورت موج‌گونه از نقاط کانونی به اطراف منتشر شده است. در نتیجه، توده‌های باقیمانده امروزی عمدتاً در لکه‌های پراکنده و منزوی قرار دارند که مدیریت حفاظتی آنها را با چالش مواجه می‌سازد. این الگو با گزارش‌های پیشین در مورد گسترش بیماری بلایت و آفت شب‌پره در جنگل‌های هیرکانی همخوانی دارد (Kiadaliri et al., 2019; Rasouli et al., 2020).

شاخص NDVI به‌عنوان یک پروکسی کارآمد برای تعیین توده‌های باقیمانده با قابلیت احیا عمل کرد. همبستگی بالای بین طبقات شمشاد با تاج سالم در نقشه‌های طبقه‌بندی و مقادیر بالاتر NDVI (بالای ۰/۴) در چشمه‌بلبل و شفارود، صحت یافته‌ها را تأیید می‌کند. میانگین NDVI بالاتر در چشمه‌بلبل (۰/۵۵) نسبت به شفارود (۰/۳۸) و سی‌سنگان (۰/۲۳) نشان‌دهنده وضعیت نسبی بهتر توده‌های باقیمانده در این رویشگاه است و همین امر مبنای تعیین اولویت یک حفاظتی برای چشمه‌بلبل قرار گرفت. کارایی NDVI در پایش وضعیت پوشش گیاهی در مطالعات متعددی در نقاط مختلف جهان به اثبات رسیده است. برای مثال Wang و همکاران (۲۰۲۱) در مطالعه خود روی جنگل‌های کاج در چین نشان دادند که NDVI می‌تواند به‌طور مؤثری رویدادهای زوال ناشی از تنش‌های محیطی را شناسایی کند. با این حال، مطالعات جدیدتر نشان داده‌اند که سایر شاخص‌های طیفی ممکن است در مراحل خاصی از تنش یا بازسازی گیاه، حساسیت بیشتری داشته باشند. برای نمونه، Çinar و همکاران (۲۰۲۵) در پژوهشی که به بررسی پایش فرآیند احیای مناطق جنگلی با استفاده از تصاویر سنتینل-۲ پرداخته است، کارایی شاخص‌های NDVI، NDRE و PSRI را مقایسه کردند. اگرچه این مطالعه بر روی مناطق دچار وزش باد شدید متمرکز است، اما نتایج آن نشان داد که شاخص‌های NDRE و PSRI در تشخیص مناطق تخریب‌یافته نسبت به NDVI مؤثرتر هستند و PSRI برای پایش فرآیند احیا مناسب‌تر تشخیص داده شده است. بر این اساس، پیشنهاد می‌شود در پژوهش‌های آتی، کارایی این شاخص‌ها نیز برای پایش زودهنگام توده‌های باقیمانده شمشاد مورد ارزیابی قرار گیرد.

دقت بالای طبقه‌بندی (بیش از ۸۶ درصد برای همه مناطق) با استفاده از الگوریتم ماشین بردار پشتیبان (SVM) و تصاویر Sentinel-2، نشان‌دهنده پتانسیل بالای این داده‌ها و روش‌ها برای تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده و اولویت‌بندی حفاظتی در جنگل‌های هیرکانی است. این یافته با پژوهش‌های مشابه در سایر نقاط جهان که کارایی روش‌های طبقه‌بندی پیشرفته را در شناسایی اختلالات جنگلی تأیید کرده‌اند، همسو می‌باشد. برای مثال، Reygadas و همکاران (۲۰۲۱) در آمازون با استفاده از الگوریتم‌های مختلف روی داده‌های لندست به دقت‌های کلی بالای ۹۴ درصد دست یافتند.

در کنار بیماری بلایت، نباید از نقش آفت شب‌پره برگ‌خوار شمشاد (*Cydalis perspectalis*) غافل شد. اگرچه این پژوهش مستقیماً به پایش این آفت نپرداخته است، اما مرور منابع نشان می‌دهد که این آفت مهاجم با قدرت تکثیر و تغذیه بالا، نقش غالب در زوال شمشاد داشته است (Bereś, 2019). مطالعه Budziszewska و Bereś (۲۰۲۴) بر پیچیدگی مدیریت این آفت و لزوم اتخاذ راهبردهای مدیریت تلفیقی آفات (IPM) تأکید دارد. از سوی دیگر، پژوهش Kenis و همکاران (۲۰۲۵) گشایش‌های امیدوارکننده‌ای را مطرح می‌کند. آنها نشان دادند که یک پارازیتوئید زنبور (*Eriborus sp.*) به‌طور اتفاقی وارد اروپا شده و می‌تواند تا ۶۸ درصد لاروهای شب‌پره را در طبیعت پارازیته کند. این یافته می‌تواند چشم‌انداز جدیدی برای کنترل زیستی این آفت در ایران نیز فراهم آورد.

محدودیت‌های مطالعه: این پژوهش دارای محدودیت‌هایی است که باید در تفسیر نتایج مد نظر قرار گیرد. اول، پایش مستقیم و سیستماتیک جمعیت آفت شب‌پره شمشاد (*Cydalis perspectalis*) انجام نشده است و نتیجه‌گیری‌ها در مورد نقش آفت عمدتاً براساس منابع پیشین و مشاهدات کیفی میدانی است. دوم، تفکیک کمی سهم هر یک از دو عامل (قارچ و آفت) در زوال شمشاد با داده‌های موجود امکان‌پذیر نیست. سوم، نقش عوامل توپوگرافیک (ارتفاع، شیب و جهت) و اقلیم‌خرد در الگوی پراکنش توده‌های باقیمانده به‌طور سیستماتیک تحلیل نشده است. انجام پژوهش‌های جداگانه با طراحی اختصاصی برای هر یک از این اهداف توصیه می‌شود. همچنین، تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده در کل وسعت جنگل‌های هیرکانی (از آستارا تا گلستان) به‌عنوان یک پروژه مستقل و ارزشمند برای برنامه‌ریزی احیا در مقیاس وسیع پیشنهاد می‌گردد.

نتیجه گیری

این پژوهش با تلفیق موفق داده‌های میدانی (شامل نمونه‌برداری، جداسازی قارچ و شناسایی مولکولی آن) و فناوری‌های نوین سنجش از دور (تصاویر Sentinel-2)، برای اولین بار نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد هیرکانی را در سه رویشگاه کلیدی جنگل‌های هیرکانی (شرقی، مرکزی و غربی) ارائه و اولویت‌بندی حفاظتی آن‌ها را انجام داد. حضور قارچ *Calonectria pseudonaviculata* در هر سه رویشگاه به‌طور قطعی تأیید شد. با توجه به نقش غالب آفت شب‌پره برگ‌خوار در سال‌های اخیر (براساس منابع پیشین) و نقش هم‌افزای قارچ، زوال شمشاد نتیجه تعامل پیچیده این دو عامل ارزیابی می‌گردد. براساس نقشه‌های تهیه‌شده و اولویت‌بندی حفاظتی، راهکارهای زیر برای حفاظت و احیای شمشاد هیرکانی پیشنهاد می‌شود:

اولویت‌بندی حفاظتی: براساس سطح توده‌های باقیمانده و میانگین NDVI، رویشگاه چشمه‌بلبل با ۷۸ هکتار توده باقیمانده و میانگین NDVI برابر ۰/۵۵ به‌عنوان اولویت یک حفاظتی (ذخیره‌گاه ژنتیکی)، شفارود با ۱۰۵ هکتار توده باقیمانده و میانگین NDVI برابر ۰/۳۸ به‌عنوان اولویت دو حفاظتی (پایش مستمر و احیای تدریجی) و سی‌سنگان با ۴/۲ هکتار توده باقیمانده و میانگین NDVI برابر ۰/۲۳ به‌عنوان اولویت سه حفاظتی (حفاظت خارج از رویشگاه و بانک ژن) تعیین می‌گردند. به‌جای تمرکز صرف بر ژنوتیپ‌های برتر، حفاظت از تمام تنوع ژنتیکی جمعیت‌های باقیمانده به‌عنوان یک اصل اساسی در برنامه‌های حفاظتی توصیه می‌شود.

پایش مستمر: سازمان منابع طبیعی و آبخیزداری کشور می‌تواند از روش‌شناسی ارائه‌شده در این پژوهش (استفاده از تصاویر رایگان Sentinel-2 و الگوریتم SVM) برای تهیه نقشه سالانه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد در سراسر جنگل‌های هیرکانی بهره‌گیرد.

مدیریت تلفیقی آفات و بیماری‌ها: با توجه به حضور همزمان دو عامل خسارت‌زا (آفت شب‌پره و بیماری بلایت)، اتخاذ یک رویکرد مدیریت تلفیقی ضروری است:

- کنترل زیستی: پیگیری فرصت‌های معرفی یا حمایت از دشمنان طبیعی شب‌پره همچون زنبور پارازیتوئید *Eriborus* sp. پس از انجام مطالعات اختصاصی.

- اقدامات قرنطینه‌ای: جلوگیری از جابجایی نهال‌ها و اندام‌های آلوده بین رویشگاه‌ها.

- احیای زیستی: در صورت موفقیت در مهار عوامل خسارت‌زا، احیای مناطق تخریب‌یافته با استفاده از نهال‌های تولیدشده از ژنوتیپ‌های متحمل‌تر (در اولویت اول، ژنوتیپ‌های مربوط به رویشگاه چشمه‌بلبل).

پژوهش‌های آتی: انجام مطالعات تکمیلی برای درک بهتر نقش عوامل توپوگرافیک (ارتفاع، شیب، جهت) و اقلیم‌خرد در الگوی پراکنش توده‌های باقیمانده، ارزیابی کارایی دیگر شاخص‌های طیفی مانند NDRE در پایش زودهنگام تنش در شمشاد و مهمتر از همه تهیه نقشه پراکنش توده‌های باقیمانده شمشاد در کل وسعت جنگل‌های هیرکانی (از آستارا تا گلستان) به‌عنوان پایه‌ای برای برنامه‌ریزی احیا در مقیاس وسیع، پیشنهاد می‌شود.

ملاحظات اخلاقی

حامی مالی

مقاله حاضر با حمایت مالی و معنوی معاونت پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، طرح پژوهشی مصوب با کد ۰۴-۱۴۰۴-۰۵ انجام شد.

مشارکت نویسندگان

نویسندگان به‌طور مساوی در کلیه مراحل طراحی و انجام پژوهش، گردآوری داده‌ها، تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها، تحلیل و تفسیر اطلاعات و نتایج، تهیه پیشنویس مقاله، بررسی و کنترل نتایج، اصلاح، بازبینی و نهایی‌سازی مقاله مشارکت داشتند.

تعارض منافع

بنا بر اظهار نویسندگان این مقاله تعارض منافع ندارد.

بیانیه دسترسی به داده‌ها

داده‌های پژوهش حاضر از طریق درخواست از نویسندگان (نویسنده مسئول) قابل دسترسی است.

سپاسگزاری

نویسندگان بدینوسیله از حمایت دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری در اجرای طرح پژوهشی مصوب با کد ۰۴-۱۴۰۴-۰۵ تشکر و قدردانی می‌نمایند.

References

- Bereś, P.K., 2019. The box tree moth (*Cydalima perspectalis* Walker, 1859) – A new invasive pest in Poland. *Progress in Plant Protection* 59(2), 115-124.
- Budziszewska, M., Bereś, P.K., 2024. Challenges in integrated pest management of box tree moth (*Cydalima perspectalis*) in ornamental and forest ecosystems. *Journal of Plant Protection Research* 64(1), 1-12.
- Çinar, T., Uslu, A., Aydin, A., 2025. Monitoring the rehabilitation process of the windthrow area using UAS images and performance comparison of Sentinel-2A based different vegetation indexes. *Earth Science Informatics* 18(2), 199.
- Congalton, R.G., 1991. A review of assessing the accuracy of classifications of remotely sensed data. *Remote Sensing of Environment* 37(1), 35-46.
- Ghavidel, M., Bayat, P., Farashiani, M.E., 2021. Satellite image processing of the *Buxus hyrcana* Pojark dieback in the Northern Forests of Iran. *Journal of Forest Science* 67(2), 71-79.
- Hamidi, S.K., Fallah, A., Bayat, M., Hosseini Yekani, S.A., 2019. Individual Tree Growth Models for Uneven aged and Mixed Hyrcanian Forests management (case study: farim forest). *Iranian Journal of Forest* 11(3), 373-386.
- Hamidi, S.K., Fallah, A., Nazaryani, N., 2023. Modeling the most appropriate vegetation indices under the influence of climatic factors using sentinel 2 images-Case study: Farim Forest. *Scientific-Research Quarterly of Geographical Data (SEPEHR)* 32(127), 55-76.
- Jalili, A., Jamzad, Z., 1999. Red data book of Iran: A preliminary survey of endemic, rare and endangered plant species in Iran. Research Institute of Forests and Rangelands Press.
- Kiadaliri, H., Khanjanzadeh, R., Mataji, A., Eshagh Teimouri, M., Sheikh-Eslami, A., 2019. Investigation of herbaceous communities and regeneration in Hyrcanian boxwood (*Buxus hyrcana* Pojark) stands after disturbance caused by blight disease (Case study: Lasakuti Forest, Tonekabon). *Iranian Journal of Forest and Poplar Research* 27(1), 1-12.
- Kenis, M., Nacambo, S., Leuthardt, F. L. G., Haye, T., 2025. Accidental introduction and establishment of the larval parasitoid *Eriborus* sp. (Hymenoptera: Ichneumonidae) as a biological control agent of the box tree moth *Cydalima perspectalis* in Europe. *Biological Control* 192, 105678.
- Khazaeli, P., Rezaei, S., Mirabolfathi, M., Zamanizadeh, H. R., Kiadaliri, H., 2015. Report on the progress of boxwood blight disease in Golestan Province forests. *Journal of Plant Pests and Diseases* 83(1), 85-86.
- Kargar, M.R., Babaei, Y., Bonyad, A., 2021. Accuracy assessment of UAV data in estimating boxwood tree dieback (Case study: Sisangan Forest Park, Mazandaran Province). *Remote Sensing and GIS in Natural Resources* 12(2), 91-109.
- Kaviani, B., Negahdar, N., 2021. Optimization of micropropagation of Caspian boxwood (*Buxus sempervirens* auct. non L.), a critically endangered ornamental shrub, treated with benzylaminopurine and naphthalene acetic acid. *Plant Process and Function* 10(44), 93-102.
- Linderman, M. A., An, L., Bearer, S., He, G., Ouyang, Z., Liu, J., 2004. Modeling the spatio-temporal dynamics and interactions of households, landscapes, and giant panda habitat. *Ecological Modelling* 175(1), 47-65.

- Mafi, S., Barari, H., Berimami, H., Berimani, M., Barari, M., 2019. Analysis of the impacts of box tree moth *Cydalis perspectalis* damage in Hyrcanian forests. *Hyrcanian Forest Protection and Utilization* 1(2), 3-12.
- Mirmiran, S.M., Mirabolfathy, M., Zare, R., Khodaparast, S.A., 2024. Susceptibility of different Iranian boxwood (*Buxus hyrcana* Pojark.) accessions to *Calonectria pseudonaviculata*, the causal agent of boxwood blight. *Forest Pathology* 54(2), e12845.
- Marvie Mohadjer, M.R., 2011. *Silviculture* (3rd ed.). University of Tehran Press.
- Murray, M.G., Thompson, W.F., 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research* 8(19), 4321-4326.
- Nazariani, N., Fallah, A., Hamidi, S.K., Varamesh, S., 2022. Estimation of quantitative characteristics of Zagros forests using data mining nonparametric algorithms (case study: Olad Ghobad Watershed, Koozdasht, Lorestan). *Forest Research and Development* 8(3), 249-263.
- Rasouli, M., Mohammadi, S., Karimi, H., 2020. Estimation of damages caused by pests and diseases in Hyrcanian forests with emphasis on boxwood (*Buxus hyrcana*). *Journal of Forest Research and Development* 6(2), 235-250.
- Reygadas, Y., Jensen, J. L. R., Moisen, G.G., 2021. Evaluating machine learning algorithms for mapping forest disturbance in the Brazilian Amazon using Landsat time series. *Remote Sensing of Environment* 265, 112671.
- Rezaei, S., Kiadaliri, H., Sharifi, K., Ahangaran, Y., Hajmansour, S., 2012. Occurrence of blight disease caused by *Cylindrocladium* fungus in forest boxwood stands of Tonekabon. *Journal of Plant Pests and Diseases* 80(2), 197-198.
- Rouse, J.W., Haas, R.H., Schell, J.A., Deering, D.W., 1974. Monitoring vegetation systems in the Great Plains with ERTS. In S. C. Freden, E. P. Mercanti, & M. Becker (Eds.), *Third Earth Resources Technology Satellite-1 Symposium: Vol. I. Technical Presentations* (NASA SP-351, pp. 309-317). National Aeronautics and Space Administration.
- Sabeti, H., 1976. *Forests, trees and shrubs of Iran*.
- Tuanmu, M. N., Viña, A., Bearer, S., Xu, W., Ouyang, Z., Zhang, H., Liu, J., 2010. Mapping understory vegetation using phenological characteristics derived from remotely sensed data. *Remote Sensing of Environment* 114(8), 1833-1844.
- Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S., 2021. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution* 38(7), 3022-3027.
- Wang, X., Zhao, J., Li, Q., Zhang, Y., 2021. Topographic controls on forest decline in a water-limited environment: A case study in the Loess Plateau, China. *Forest Ecology and Management* 498, 119558.
- Wilfong, B.N., Gorchov, D.L., Henry, M.C., 2009. Detecting forest damage from emerald ash borer using Landsat imagery. *Forest Ecology and Management* 257(3), 906-912.
- Wulder, M.A., White, J.C., Goward, S.N., Masek, J.G., Irons, J.R., Herold, M., Cohen, W.B., Loveland, T.R., Woodcock, C.E., 2008. Landsat continuity: Issues and opportunities for land cover monitoring. *Remote Sensing of Environment* 112(3), 955-969.
- White, T.J., Bruns, T., Lee, S., Taylor, J., 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, & T. J. White (Eds.), *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications* (pp. 315-322). Academic Press.
- Zamani, S.M., Arefipour, M.R., Gholami Ghavam abad, R., Ghanaei, S., 2024. The response of boxwood accessions from Hyrcanian forest areas of Northern Iran to blight disease (Agent: *Calonectria pseudonaviculata*). *Journal of Iranian Plant Protection Research* 38(2), 159-170.