

مقاله علمی پژوهشی

ارزیابی شبکه عصبی مصنوعی MLP بهینه شده با الگوریتم ژنتیک در تخمین و پیش‌بینی R_0 و r_m سفیدبالک گلخانه (Hemiptera: *Trialeurodes vaporariorum*) (Aleyrodoidae) با توجه به برخی ویژگی‌های گیاهان میزبان در شرایط گلخانه

سکینه نعیم امینی^۱، علی گلی‌زاده^{۱*}، بهرام تفاق‌دین‌نیا^۲، جبرائیل رزمجو^۱، حبیب عباسی‌پور^۳ و علیرضا شعبانی‌نژاد^۴

۱- گروه گیاه‌پزشکی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران، ۲- پژوهشکده کشاورزی، سازمان پژوهش‌های علمی و صنعتی، تهران، ایران، ۳- گروه گیاه‌پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران و ۴- گروه گیاه‌پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه رازی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران.

* مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: golizadeh@uma.ac.ir

چکیده

با توجه به اهمیت تولید محصولات گلخانه‌ای و فعالیت بالای آفات از جمله سفیدبالک *Trialeurodes vaporariorum* در گلخانه‌ها، مدیریت این آفت ایجاب می‌کند تا مطالعات بوم‌شناختی با رویکردی جدید صورت گیرد. بنابراین، با توجه به تأثیرپذیری عملکرد زیستی سفیدبالک گلخانه از ویژگی‌های گیاه میزبان، پژوهش حاضر به منظور پیش‌بینی و تخمین مقادیر پراسنجه‌های رشد جمعیت شامل نرخ خالص تولید مثل (R_0) و نرخ ذاتی افزایش جمعیت (r_m) آفت، با توجه به برخی ویژگی‌های گیاهان میزبان و با استفاده از شبکه عصبی مصنوعی MLP بهینه شده با الگوریتم ژنتیک انجام شد. مقادیر نرخ خالص تولید مثل و نرخ ذاتی افزایش جمعیت آفت روی دو میزبان خیار، *Cucumis sativus* و کیوانو، *Cucumis metuliferus* محاسبه شد. همچنین تراکم و طول تریکوم‌های برگ، تراکم و مساحت سلول‌های روزنه سطح زیرین برگ و مقدار سزینه برگ هر یک از گیاهان میزبان اندازه‌گیری شد. شبکه عصبی مصنوعی MLP بهینه شده با الگوریتم ژنتیک طراحی شد و برای اطمینان از یادگیری شبکه عصبی آموزش دیده، آزمون‌های F ، t و کولموگروف-اسمیرنوف به ترتیب برای مقایسه میانگین، واریانس و توزیع آماری مورد استفاده قرار گرفتند. مقادیر ضرایب تبیین $R^2 = 0.9621$ و سطح احتمال معنی‌داری ($P > 0.0001$) برای آزمون‌های آماری بیانگر دقت و توانمندی بالا و قدرت تعمیم‌پذیری شبکه عصبی مصنوعی MLP در تخمین R_0 و r_m مربوط به سفیدبالک گلخانه بود.

واژه‌های کلیدی: سفیدبالک گلخانه، شبکه عصبی مصنوعی، الگوریتم ژنتیک، گیاه میزبان، پراسنجه‌های رشد جمعیت

Evaluation of artificial neural network MLP optimized with genetic algorithm in estimating and predicting R_0 and r_m of greenhouse whitefly *Trialeurodes vaporariorum* (Hemiptera: Aleyrodoidae) according to some characteristics of host plants under greenhouse conditions

Sakineh Naeim Amini¹, Ali Golizadeh^{1*}, Bahram Tafaghodinia², Jabraeil Razmjou¹, Habib Abbasipour³ & Alireza Shabaninejad⁴

1. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran, 2. Iranian Research Organization for Science and Technology (IROST), Tehran, Iran, 3. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Shahed University,

دریافت: ۱۴۰۰/۰۱/۰۹، پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۲۹

دبیر تخصصی: یعقوب فتحی‌پور

Tehran, Iran & 4. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, University of Razi, Kermanshah, Iran.

* Corresponding author, E-mail: golizadeh@uma.ac.ir

Abstract

Regarding the importance of greenhouse productions and high activity of pests including *Trialeurodes vaporariorum* under greenhouse conditions, the management of this pest requires ecological studies with a new approach. Therefore, due to the influence of the host plant characteristics on biological performance of greenhouse whitefly, the current research was performed to predict and estimate the values of its population growth parameters including net reproduction rate (R_0) and intrinsic rate of population increase (r_m). Estimation was based on some morphological features of the host plants using a MLP artificial neural network. The network was optimized with a genetic algorithm. The R_0 and r_m values of *T. vaporariorum* were calculated on two host plants, *Cucumis sativus* L. and *Cucumis metuliferus* May. Moreover, density and length of the leaf trichomes, density and area of leaf stomata cell of the lower leaf surface and the amount of leaf chlorophyll of each host plant was measured. The MLP neural network with optimal algorithm was designed. In order to evaluate the MLP neural network the T-test, F-test and Kolmogorov-Smirnov test were used to compare mean, variance, and statistical distribution, respectively. The obtained coefficient of determination ($R^2 = 0.9621$) and probability level ($P > 0.773$) of statistical tests indicated high accuracy and capability and high generalizability of the MLP neural network for estimating R_0 and r_m of greenhouse whitefly.

Key words: *Trialeurodes vaporariorum*, artificial neural network, genetic algorithm, host plants morphological characteristics, population growth parameters

Received: 29 March 2021, Accepted: 19 June 2021.

مقدمه

در ایران کشت انواع محصولات جالیزی در سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۶، حدود ۲۸۳ هزار هکتار بود که کشت خیار ۵۵۰۹۳ هکتار از این سطح را در بر می‌گیرد (Anonymous, 2018). با توجه به افزایش جمعیت و نیاز به مواد غذایی بیشتر و همچنین تولید محصول خارج فصل، کشت‌های گلخانه‌ای افزایش یافته است. تولید خیار گلخانه‌ای در سال ۱۳۹۷ در ۷۴۲۸ هکتار گلخانه معادل ۱۸۸۵۸۰۳ تن خیار بوده است. خیار، *Cucumis sativus* L. یکی از مهمترین محصولات گلخانه‌ای، گیاهی یکساله علفی، حاوی ویتامین‌های A، B، C، منگنز، کربنات کلسیم، پتاسیم، سدیم، کلر، گوگرد و فسفر بوده و دارای اثر تصفیه کننده خون، حل کننده اسید اوریک و برای بیماری دیابت مفید است (Khezri, 2003). از طرف دیگر خیار میزبانی مناسب برای سفیدبالک گلخانه‌ای می‌باشد. کیوانو، *Cucumis metuliferus* May یکی دیگر از گونه‌های تیره کدوئیان بوده که بومی مناطق جنوبی آفریقا می‌باشد و میزبان سفیدبالک گلخانه است. این گیاه سرشار از ویتامین C، آهن، پتاسیم و مقدار کمی روی، منیزیم و کلسیم بوده و با داشتن اسید لینولئیک و اسید اولئیک به کاهش فشار خون کمک می‌کند. این گیاه حاوی آنتی‌اکسیدان‌های مختلف بوده از تشکیل رادیکال‌های آزاد جلوگیری کرده و در پیشگیری از سرطان مؤثر است. میوه آن سبب افزایش تعداد هموگلوبین و گلبول سفید خون شده و موجب تقویت سیستم ایمنی بدن می‌شود (Usman, 2015). گلیکوزیدهای استخراج شده از این میوه روی موش خواص ضد هایپر گلاسمی در درمان دیابت را نشان داده است (Jiman et al., 2010; Goteb, 2011). این گیاه در برابر بسیاری از بیمارگرها مقاوم است (Provvidenti & Robinson, 1977). با توجه به خواص دارویی آن، کشت این محصول در کشور در حال توسعه می‌باشد.

یکی از مشکلات تولید محصولات گلخانه‌ای، شیوع آفت مهمی به نام سفیدبالک گلخانه است. سفیدبالک گلخانه با نام علمی *Trialeurodes vaporariorum* West از راسته Hemiptera و خانواده Aleyrodidae (Vondohlen & Moran, 2002) می‌باشد. این آفت پلی‌فاژ بوده و بیشترین میزبان‌های آن در تیره‌های گیاهی Solanaceae و Cucurbitaceae قرار دارند (Mound & Halsey, 1987). این حشره بسیار کوچک با تغذیه از شیره

گیاهی، ترشح عسلک و انتقال بیماری‌های ویروسی، کاهش کیفیت عملکرد در گیاهان میزبان را به دنبال دارد (Van Lenteren & Woest, 1988; Prabhaker *et al.*, 1998).

خصوصیاتی چون داشتن طیف وسیع میزبانی، تعدد نسل در سال، توانایی مهاجرت، تحمل دماهای بالای محیط و همچنین سرعت تکثیر بالای سفیدبالک گلخانه، مدیریت آن را مشکل نموده است (Gerling & Mayer, 1996). کنترل شیمیایی سفیدبالک گلخانه به دلیل استقرار پوره‌ها در سطح زیرین برگ، وجود لایه مومی روی مراحل رشدی مختلف آفت، عدم تغذیه مرحله شفیرگی، تولید عسلک فراوان و تولید حدود ۱۲ نسل در سال، عملاً با شکست روبرو شده است (Sorensen *et al.*, 1990).

در گذشته پژوهش‌های بسیاری در رابطه با جدول زندگی سفیدبالک‌ها روی میزبان‌های مختلف انجام شد. زیست‌شناسی و پراسنجه‌های جدول زندگی *T. vaporariorum* روی ۵ رقم مختلف لوبیا و سویا در شرایط گلخانه (Campos *et al.*, 2003) و دو رقم لوبیا در شرایط مختلف محیطی (Manzano & Lenteren, 2009) بررسی شد. تراکم سفیدبالک گلخانه روی ارقام مختلف طالبی مورد ارزیابی قرار گرفت (Baldin *et al.*, 2012). در پژوهشی برهم‌کنش سه سطح غذایی سه گونه میزبان گیاهی (خیار، گوجه فرنگی و بادمجان)، سفیدبالک گلخانه و دشمن طبیعی آن بررسی و تعیین شده است (Mirzamohammadzadeh *et al.*, 2015). همینطور Bagheri (2017) پراسنجه‌های زیستی این آفت را روی چهار رقم خیار گلخانه‌ای مورد مطالعه قرار داده است.

با توجه به اهمیت گیاهان میزبان آفت یاد شده و با در نظر گرفتن شرایط مساعد گلخانه برای رشد و تکثیر آفات، مدیریت انبوهی آفات در گلخانه امری ضروری است. این مهم نیازمند برنامه مدیریتی و پایش مناسب و بدون بهره‌گیری از مطالعات بوم‌شناختی همچون بررسی رابطه سطوح غذایی گیاه- گیاه‌خوار (آفت) و تلفیق آنها با ابزارهای علمی نوین همچون هوش مصنوعی می‌باشد.

شبکه‌های عصبی مصنوعی (Artificial Neural Networks) برای تخمین، کارایی و انعطاف پذیری بسیار بالایی از خود نشان داده‌اند. گستره کاربرد این مدل‌های ریاضی بر گرفته از عملکرد مغز انسان، بسیار وسیع می‌باشد. شبکه عصبی بدون در نظر گرفتن فرضیه اولیه و همچنین دانش قبلی از روابط بین پراسنجه‌های مورد مطالعه قادر به پیدا کردن رابطه بین مجموعه‌ای از ورودی‌ها و خروجی‌ها برای پیش‌بینی هر خروجی متناظر با ورودی دلخواه می‌باشد (Torrecilla *et al.*, 2004; Kaul *et al.*, 2005). یکی از پرکاربردترین نوع شبکه‌های عصبی، شبکه عصبی پرسپترون چند لایه (Multilayer Perceptron) است. در این نوع شبکه عصبی، گره‌ها در لایه‌های متوالی قرار گرفته و ارتباط بین آنها یک‌طرفه است و زمانی که یک الگوی ورودی به شبکه وارد می‌شود، اولین لایه، مقادیر خروجی خود را محاسبه می‌کند و در اختیار لایه بعدی قرار می‌دهد. لایه بعدی این اطلاعات را به عنوان ورودی دریافت کرده و مقادیر خروجی خود را به لایه بعدی منتقل می‌کند. در واقع در این نوع شبکه، هر گره به گره‌های بعدی سیگنال منتقل می‌کند (Heykin, 1999). از ویژگی‌های شبکه‌های عصبی می‌توان به قابلیت یادگیری، قابلیت تعمیم، امکان پردازش موازی، توانایی تشخیص الگوهای مبتنی بر تجربه، طبقه‌بندی الگوها، توانایی خلاصه کردن، تشخیص داده‌های اشتباه و قابلیت کاربردی آن اشاره کرد (Hassoun, 1995).

هوش مصنوعی امروزه جایگاه خاصی در مطالعات کشاورزی و علوم زیستی دارد. در حال حاضر مطالعات متعددی به منظور پیش‌بینی و تهیه نقشه‌های دقیق پوشش گیاهی، تغییرات جمعیت آفات و غیره با روش‌های درون‌یابی در حال انجام است. به عنوان مثال شبکه عصبی بردار چندی ساز یادگیر (Learning Vector Quantization Neural Network) روش نوین در پیش‌بینی و طبقه‌بندی توزیع شب پره مینوز گوجه فرنگی در نقاط نمونه‌برداری نشده بر اساس داده‌های حاصل از نقاط نمونه‌برداری شده است (Shabaninejad

(Tafaghodiniya, 2016). در پژوهشی دیگر، از شبکه عصبی مصنوعی ترکیب شده با الگوریتم ژنتیک برای پیش‌بینی الگوی پراکنش کنه تارتن دو لکه‌ای در مزرعه خیار استفاده شد که نتایج، کارایی بسیار بالای این شبکه را نشان داد (Shabaninejad & Tafaghodiniya, 2017a). در مقایسه عملکرد الگوریتم‌های مختلف یادگیری شبکه عصبی در پیش‌بینی الگوی توزیع سفیدبالک پنبه (*Bemisia tabaci* (Gennadius, 1889) در خیارکاری‌های بهبهان، Shabaninejad & Tafaghodiniya (2017b) نشان دادند که شبکه عصبی مصنوعی با الگوریتم لونیگ-مارکوات توانست با دقت مناسبی افزون بر پیش‌بینی، نقشه پراکنش سفیدبالک پنبه را ترسیم کند. بررسی‌های انجام شده نشان داد تاکنون پژوهشی به منظور ارزیابی شبکه عصبی مصنوعی MLP بهینه شده با الگوریتم ژنتیک در تخمین و پیش‌بینی پراسنجه‌های جدول زندگی آفات با توجه به برخی ویژگی‌های ریخت-شناسی (ظاهری) گیاهان میزبان صورت نگرفته است. بر این اساس، تحقیق حاضر با هدف ارائه مدل مناسبی برای پیش‌بینی مهمترین پراسنجه‌های رشد جمعیت سفیدبالک گلخانه یعنی نرخ ذاتی افزایش جمعیت (r_m) و نیز نرخ خالص تولیدمثل (R_0) با توجه به برخی ویژگی‌های ریخت‌شناسی گیاهان میزبان (تراکم و طول تریکوم سطح زیرین برگ، تراکم و مساحت سلول‌های روزنه سطح زیرین برگ) و مقدار سبزینه برگ انجام شد. به نظر می‌رسد، مدل پیشنهادی بتواند کاهش هزینه‌ها و صرفه جویی در زمان و انرژی را در اجرای برنامه‌های پایش و مدیریت سفیدبالک گلخانه، مهر زیستی آن و پروژه‌های تحقیقاتی مرتبط به دنبال داشته باشد.

مواد و روش‌ها

پرورش گیاهان میزبان و سفیدبالک گلخانه

بذر گیاه خیار *C. sativus* و کیوانو *C. metuliferus* از شرکت پاکان بذر اصفهان تهیه و پس از ۲۴ ساعت خیساندن در آب، در گلدان‌هایی به قطر ۱۸ سانتیمتر و ارتفاع ۲۰ سانتیمتر و حاوی نسبت مناسب از خاک، ماسه و کود دامی پوسیده کاشته شدند. گیاهان در شرایط گلخانه در دمای 25 ± 5 درجه سلسیوس، رطوبت نسبی 5 ± 60 درصد و دوره روشنایی طبیعی در گلخانه پژوهشی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه محقق اردبیلی پرورش یافتند.

به منظور تهیه کلنی حشره آفت، سفیدبالک‌های گلخانه پس از جمع‌آوری از گلخانه‌های آموزشی و پژوهشی دانشگاه محقق اردبیلی روی بوته‌های گوجه فرنگی رهاسازی شدند و پس از استقرار در شرایط گلخانه در دمای 25 ± 5 درجه سلسیوس، رطوبت نسبی 5 ± 60 درصد و دوره روشنایی طبیعی در گلخانه پژوهشی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه محقق اردبیلی پرورش و تکثیر یافتند.

پراسنجه‌های رشد جمعیت سفیدبالک گلخانه

به منظور تهیه همزادگان سفیدبالک روی هر یک از گیاهان میزبان (خیار و کیوانو)، ۷۰ تخم هم‌سن *T. vaporariorum* با عمر کمتر از ۲۴ ساعت، در شرایط گلخانه در دمای 25 ± 5 درجه سلسیوس، رطوبت نسبی 5 ± 60 درصد و دوره روشنایی طبیعی پرورش قرار گرفتند. برگ‌های حاوی تخم درون کیسه‌های پارچه‌ای از جنس حریر با ابعاد 17×22 سانتیمتر قرار داده شدند. مراحل رشدی هر یک از تخم‌ها تا زمان خروج حشره کامل ثبت شد. پس از ظهور حشرات کامل، هر جفت حشره نر و ماده هم‌سن با عمر کمتر از ۱۲ ساعت، روی یک برگ از گیاهان مورد آزمایش محصور شده با کیسه‌های حریر، قرار گرفتند. پس از ۲۴ ساعت هر یک از جفت‌های

حشره به برگ بعدی عاری از آفت انتقال یافت. تعداد تخم‌های گذاشته شده توسط هر حشره ماده در هر روز تا زمان مرگ حشره ماده، روی هر گیاه جداگانه ثبت شد.

ویژگی‌های ظاهری (ریخت‌شناسی) گیاه میزبان

الف) اندازه‌گیری تراکم تریکوم‌های برگ

از هر گلدان، سه برگ رشد یافته انتهایی انتخاب و تعداد تریکوم‌های پهنک سطح زیرین برگ در سطح ۲۵ میلی‌متر مربع زیر استریو بینوکولر (SZX16-Olympus) شمارش و ثبت شد. میانگین حاصل از سه برگ برای هر گلدان در نظر گرفته شد. محاسبات برای هر گیاه مورد آزمایش در ۷۰ تکرار انجام شد.

ب) اندازه‌گیری طول تریکوم

تریکوم‌ها نتیجه طویل شدن و وسعت یافتن سلول‌های اپیدرم گیاه هستند (Ghahraman, 2003). بنابراین برای مشاهده آنها ابتدا باید اپیدرم سطح زیرین برگ جدا شود. برای جدا کردن اپیدرم سطح زیرین برگ و تهیه اسلاید میکروسکوپی طبق روش (Guerfel *et al.*, 2009) از لاک ناخن شفاف استفاده شد. از اسلایدهای تهیه شده زیر میکروسکوپ نوری با بزرگ‌نمایی ۴۰ برابر (۴۰×) در ۷۰ تکرار از هر نوع گیاه مورد بررسی عکس گرفته و با کمک نرم افزار ImagJ (Rasband, 2018)، طول تریکوم‌ها اندازه‌گیری شد.

ج) تراکم و مساحت سلول‌های روزنه

روزنه‌ها، منافذ موجود در اپیدرم گیاه هستند که در تبادل گازی و تعرق نقش دارند (Ghahraman, 2003). پس از جدا کردن اپیدرم سطح زیرین برگ، با استفاده از لاک ناخن شفاف (روش (Guerfel *et al.*, 2009)، اسلایدهای میکروسکوپی تهیه شده از هر گیاه، با استفاده از میکروسکوپ نوری با بزرگ‌نمایی ۴۰ برابر تصویر برداری شد. تعداد روزنه‌ها در هر میدان دید در سطح ۵ میلی‌متر مربع شمارش و مساحت سلول روزنه با کمک نرم افزار ImagJ (Rasband, 2018) محاسبه شد. برای هر گیاه میزبان ۷۰ تکرار در نظر گرفته شد.

اندازه‌گیری مقدار سبزینه (کلروفیل) برگ

مقدار سبزینه برگ هر گیاه مورد آزمایش توسط دستگاه سبزینه‌سنج (SPAD-502- Konica Minolta) در ۷۰ تکرار اندازه‌گیری و ثبت شد. برای این کار ۳۵۰ بوته از هر نوع گیاه و از هر بوته دو برگ رشد یافته انتهایی انتخاب شد. روی هر برگ، مقدار سبزینه در ۵ نقطه مختلف از سطح برگ با دستگاه، اندازه‌گیری و میانگین ۵ عدد به عنوان مقدار سبزینه هر برگ ثبت شد.

محاسبه و تجزیه و تحلیل داده‌های پراسنجه‌های جدول زندگی

تخمین پراسنجه‌های جدول زندگی از جمله نرخ ذاتی افزایش جمعیت (r_m) و نرخ خالص تولید مثل (R_0) با استفاده از نرم افزار TWSEX-MSChart (Chi, 2019) انجام شد. به منظور مقایسه میانگین پراسنجه‌های جدول زندگی سفیدبالک گلخانه بین گیاهان میزبان از آزمون $P < 0.05$ paired bootstrap استفاده شد.

تحلیل آماری داده‌ها

مقایسه میانگین داده‌های حاصل از بررسی ویژگی‌های گیاهی با به کارگیری نرم افزار RStudio Team, *R studio* ver.3.6.2 2020 و آزمون دانکن انجام شد.

پیش‌پردازش داده‌ها

در ابتدا داده‌ها به طور تصادفی به دو دسته مجموعه آموزش، با ۷۰ درصد کل داده‌ها و مجموع آزمایش، با ۳۰ درصد کل داده‌ها تقسیم بندی شد. در صورتی که این تقسیم‌بندی نتایج مطلوبی به همراه نداشته باشد، می‌توان

این مرحله را مجدداً تکرار کرد (Zhang et al., 1998). به منظور افزایش عملکرد مناسب الگوریتم یادگیری و همچنین به دلیل دامنه تغییرات خروجی تابع فعالیت سیگموئیدی (Sigmoid Transfer Function) به کار گرفته شده در لایه میانی، ضروری است قبل از به کارگیری داده‌های خام اولیه در آموزش شبکه، ابتدا داده‌ها در دامنه مناسبی نرمال شوند. در غیر این صورت شبکه در طول فاز آموزش هم‌گرا نشده و در نهایت، نتایج مطلوبی هم به دست نمی‌آید (Yuxin et al., 2006). زمانی که از تابع فعالیت سیگموئیدی استفاده می‌شود، بهترین دامنه تبدیل داده‌ها بین (۰/۹ و ۰/۱) می‌باشد (Vakil-Baghmishah & Pavešicmm, 2003). برای تبدیل داده‌ها، روش نرمال سازی خطی معادله (۱) مورد استفاده قرار گرفت:

$$(1) \times x_n = \frac{x - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} (r_{max} - r_{min}) + r_{min}$$

در معادله فوق، X داده خام اولیه، X_n داده نرمال شده، x_{min} و x_{max} به ترتیب مقادیر بیشینه و کمینه داده‌های اولیه، r_{min} و r_{max} هم به ترتیب حد بالایی و پایین دامنه تغییرات داده‌های تبدیل شده است. از شبکه عصبی MLP به همراه الگوریتم ژنتیک با هدف تخمین نرخ خالص تولید مثل (R_0) و نرخ ذاتی افزایش جمعیت (r_m) مربوط به سفیدبالک گلخانه با توجه به ویژگی‌های ریخت شناسی گیاه میزبان، استفاده شد. ۷۰ درصد از کل داده‌ها به صورت کاملاً تصادفی، برای آموزش شبکه و ۳۰ درصد باقی مانده برای آزمایش شبکه به منظور تخمین انتخاب شد.

شبکه عصبی پرسپترون چند لایه (MLP)

شبکه‌های عصبی پرسپترون چند لایه از یک یا تعداد بیشتری لایه‌های میانی تشکیل شده‌اند. سیگنال‌های ورودی به وسیله ضریب‌های بهنجارکننده، نرمال شده و بعد از محاسبات، خروجی به مقدار واقعی برگردانده می‌شود. مقادیر اولیه وزن‌ها نیز به صورت اتفاقی در نظر گرفته می‌شوند (Kim, 2006). در این شبکه ابتدا هر نرون در لایه مخفی، محاسبه‌گر مجموع حاصل ضرب اطلاعات ورودی و وزن‌های ارتباطی (پراسنجه‌هایی که مقادیر اولیه آنها به صورت تصادفی تعیین می‌شود) است و سپس این حاصل را با استفاده از یک تابع فعال‌سازی به نرون لایه بعد انتقال می‌دهد. مقایسه مقادیر محاسبه شده خروجی با مقادیر واقعی آنها صورت گرفته و میزان خطا محاسبه می‌شود. اگر میزان خطا از خطای مطلوب تعیین شده متفاوت باشد، با بازگشت به عقب و تغییر ضرایب ارتباطی و تکرار مراحل قبلی به طور مجدد خروجی‌های جدیدی محاسبه می‌شود. در این شبکه‌ها اساس آموزش، الگوریتم پس انتشار خطا (Back Propagation of Error) است (Choudhury & Bartarya, 2003). علیرغم موفقیت‌های کلی الگوریتم پس انتشار خطا در یادگیری شبکه‌های عصبی، چندین مشکل اصلی وجود دارد: ۱- سرعت هم‌گرایی این الگوریتم پایین بوده و ۲- هم‌گرایی این الگوریتم، به انتخاب مقادیر اولیه وزن‌های شبکه، بردارهای بایاس و پراسنجه‌های موجود در الگوریتم، مانند نرخ یادگیری وابسته است (Freeman & Sakura, 2005). با عنایت به این موارد، به منظور افزایش سرعت هم‌گرایی و تعیین وزن‌های مناسب شبکه، از الگوریتم‌های هوشمند استفاده می‌شود. بنابراین در این پژوهش الگوریتم ژنتیک مورد استفاده قرار گرفت.

معماری شبکه عصبی

تعداد عناصر بردار ورودی در معماری و طراحی ساختار شبکه عصبی از صورت مسئله مورد بررسی تعیین می‌شود و انتخاب طراح در آن دخیل نیست. اما تعیین تعداد لایه‌های پنهان، تعداد نرون‌ها، نوع ارتباط بین نرون‌ها،

نوع تابع فعال‌سازی و تعداد تکرارها در انتخاب طراح است، بر این اساس در به کارگیری شبکه عصبی، ضرورت یک طراحی بهینه بدیهی است (Vellido *et al.*, 2010).

به منظور انتخاب پراسنجه‌های مدل و طراحی بهینه، فرآیند ۸ مرحله‌ای (Kaastra *et al.*, 1996) مورد استفاده قرار گرفت که لایه پنهان و ۳ نرون در لایه پنهان بهترین عملکرد را نشان داده است. تابع سیگموئیدی در لایه پنهان و تابع خطی در لایه خروجی به عنوان تابع فعال‌سازی استفاده شد. تعداد ۱۰۰۰۰ تکرار برای تمامی مراحل در نظر گرفته شد.

تنظیم وزن‌های شبکه عصبی با استفاده از الگوریتم ژنتیک

الگوریتم‌های ژنتیک، الگوریتم‌های جستجو هستند که بر پایه مفاهیم انتخاب طبیعی و ژنتیک موجودات زنده بنا نهاده شده‌اند. هدف عملگرهای اصلی در الگوریتم ژنتیک، انتخاب، ترکیب و تغییر بردارهای متناظر با جواب‌هایی است که در نسل کنونی، بهترین جواب برای مسأله بهینه‌سازی محسوب می‌شوند. به عبارتی دیگر، در هر نسل مجموعه جدیدی از رشته‌ها با استفاده از مناسب‌ترین اجزای نسل قبل ایجاد می‌شود و اجزای جدید برای تناسب مورد آزمون قرار می‌گیرند (Thomas & Sycara, 2002). تنظیم وزن‌های اتصال شبکه یکی از قابلیت‌های الگوریتم ژنتیک است که به صورت ترکیبی با شبکه عصبی استفاده می‌شود. چگونگی بکارگیری الگوریتم ژنتیک جهت تعیین اوزان شبکه عصبی توسعه یافته در این پژوهش، در ادامه توضیح داده می‌شود.

کدگذاری کروموزوم‌ها

هر یک از کروموزوم‌های الگوریتم ژنتیک از مجموع وزن‌ها و بایاس‌های متناظر با معماری شبکه عصبی تشکیل می‌شود (Lohn *et al.*, 2002). در این شبکه وزن‌هایی که لایه اول و دوم را به یکدیگر متصل می‌نماید با w_i^l نشان داده می‌شود که تعداد آنها برابر با ۶ عدد است. همین‌طور وزن‌هایی که اتصال لایه دوم و سوم را به عهده دارند با w_i^2 نشان داده می‌شود و تعداد آنها برابر با ۳ است. از سوی دیگر تعداد ۲ بایاس برای دو عدد نرون لایه دوم در نظر گرفته شد که با b_i^l نمایش داده می‌شود. همچنین یک عدد بایاس با علامت b_i^2 برای یک عدد نرون در لایه سوم مشخص می‌شود. در نتیجه طول کروموزوم مورد نظر برابر با مجموع تعداد اوزان و بایاس‌های این شبکه و برابر ۱۳ است.

تابع برازش

پیش‌پردازش صورت گرفته و مجموعه داده‌ها به عنوان ورودی شبکه عصبی مورد استفاده قرار می‌گیرد. در اولین تکرار، وزن‌های اولیه متناظر با ورودی‌های شبکه عصبی (کروموزوم‌های الگوریتم ژنتیک) به صورت تصادفی انتخاب و رابطه میانگین مجذور خطا (Mean Squared Error (MSE)) به عنوان تابع برازش هر کروموزوم از الگوریتم ژنتیک قلمداد می‌شود. حال به کارگیری عملگر تقاطع (Crossover) امکان‌پذیر می‌گردد (Paredis, 1995). در پایان هر تکرار، ۱۰٪ از بهترین کروموزوم‌ها به همراه ۹۰٪ کروموزوم تولید شده تصادفی جدید، به نسل بعد منتقل شده و این فرآیند تا رسیدن به شرایط توقف الگوریتم ادامه می‌یابد. در پایان بهترین کروموزوم به عنوان اوزان اولیه در شبکه عصبی مصنوعی اعمال می‌شود.

عملگرهای تقاطع و جهش

عملگر تقاطع یک نقطه‌ای (Single-Point Crossover)، به منظور تقاطع کروموزوم‌های منتخب والد و تولید کروموزوم‌های فرزند در هر تکرار مورد استفاده قرار گرفت. هدف اصلی از به کارگیری این عملگر، تولید نسلی با برازندگی (Fitness) بهتر است، با این امید که خصوصیات خوب والدین در فرزندشان جمع شده و یک موجود

بهتری را تولید کند (Kumar et al., 2006). در عملگر تقاطع یک نقطه‌ای، یک نقطه بر روی دو کروموزوم والد به صورت تصادفی انتخاب می‌شود و فرزندان با ترکیب ژن‌های قبل و بعد نقطه تقاطع انتخاب شده تولید می‌گردند. برای انتخاب کروموزوم‌های والد، رویکرد چرخ رولت (Roulette Wheel) مورد استفاده قرار گرفت (Goldberg, 1999). سپس با استفاده از عملگر جهش (Mutation)، به عنوان یکی از مهم‌ترین فرایندهای تکاملی برای رسیدن به جواب بهینه در الگوریتم ژنتیک، مقدار ژن متناظر با احتمال $0/5$ به میزان 10 درصد افزایش یا کاهش یافت.

شرط توقف

برای الگوریتم‌های ژنتیک تعداد 100 تکرار در نظر گرفته شده است و چنانچه بعد از 30 تکرار، در مقدار برازندگی بهبودی حاصل نشود، الگوریتم متوقف می‌شود.

تحلیل آماری شبکه

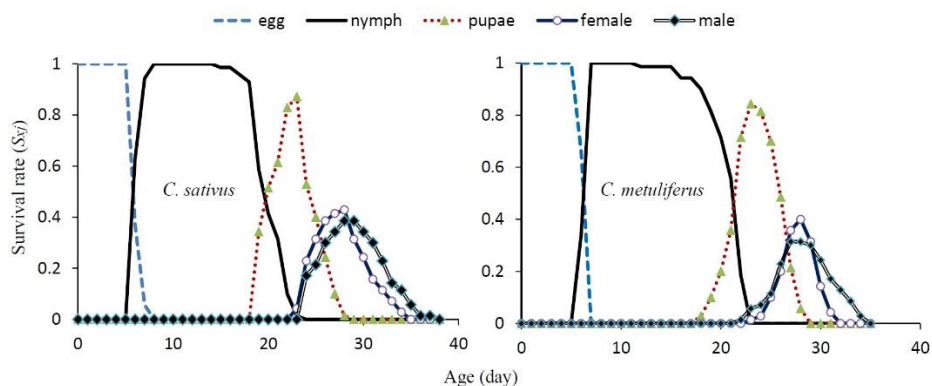
برای اطمینان از یادگیری شبکه عصبی آموزش دیده برای پیش‌بینی و تخمین R_0 و r_m در سفیدبالک گلخانه، داده‌های واقعی و پیش‌بینی شده توسط شبکه، مورد مقایسه آماری قرار گرفتند. فرض صفر با دلالت بر تساوی میانگین، واریانس و توزیع آماری داده‌های واقعی و پیش‌بینی شده توسط شبکه در نظر گرفته شد. هر فرضیه در سطح احتمال 95 درصد به کمک پراسنجه P آزموده شد. برای مقایسه میانگین، واریانس و توزیع آماری به ترتیب، آزمون‌های F ، t و کولموگروف-اسمیرنوف مورد استفاده قرار گرفتند.

نتایج

نتایج پراسنجه‌های جدول زندگی حشره

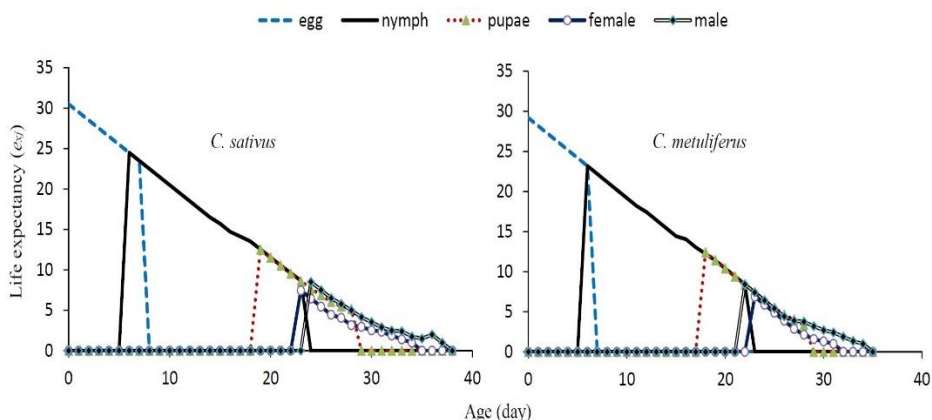
نتایج نشان داد، مقدار نرخ ذاتی افزایش جمعیت سفیدبالک روی دو گیاه خیار و کیوانو به ترتیب برابر $0/006 \pm 0/089$ و $0/007 \pm 0/0202$ (بر روز) است که در سطح احتمال 95 درصد از نظر آماری تفاوت معنی‌دار داشتند. مقدار نرخ خالص تولیدمثل نیز روی این دو میزبان به ترتیب $2/246 \pm 12/73$ و $0/348 \pm 1/803$ (نتاج) بود که در سطح احتمال، $P < 0/05$ اختلاف معنی‌دار نشان دادند. بنابراین عملکرد زیستی آفت تحت تأثیر میزبان قرار گرفته و گیاه خیار نسبت به کیوانو، میزبان مرجح به شمار می‌آید.

منحنی نرخ زنده‌مانی ویژه سن - مرحله رشدی (S_{ij}) نشان داد که سفیدبالک‌های پرورش یافته روی هر دو میزبان گیاهی، زنده‌مانی بالایی داشته و روند مرگ‌ومیر آنها تقریباً از الگوی یکسانی پیروی می‌کند (شکل ۱). امید به زندگی یک فرد تازه متولد شده سفیدبالک گلخانه روی خیار و کیوانو به ترتیب $30/5$ و 29 روز بود (شکل ۲).



شکل ۱- منحنی نرخ زنده‌مانی ویژه سن- مرحله زیستی (S_{xj})، *T. vaporariorum* پرورش یافته روی *C. sativus* و *C. metuliferus*

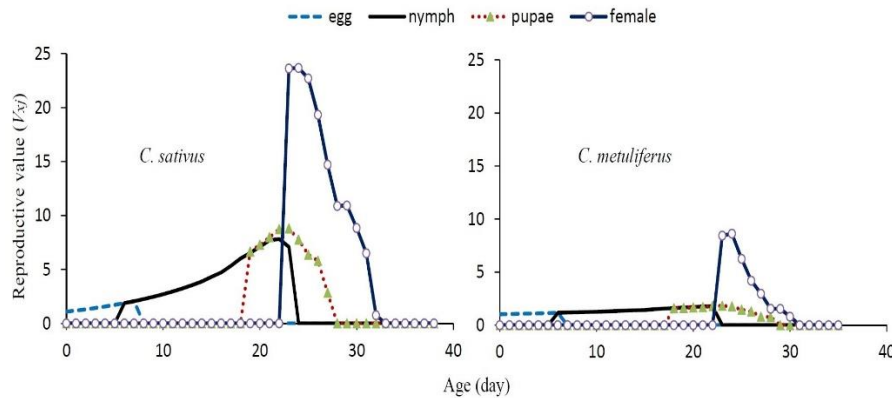
Fig. 1. Age-stage specific survival rate (S_{xj}) of *T. vaporariorum* reared on *C. sativus* and *C. metuliferus*



شکل ۲- امید به زندگی ویژه سن- مرحله زیستی (e_{xj})، *T. vaporariorum* پرورش یافته روی *C. sativus* و *C. metuliferus*

Fig. 2. Age-stage specific life expectancy (e_{xj}) of *T. vaporariorum* reared on *C. sativus* and *C. metuliferus*

در پژوهش حاضر، در ارتباط با ارزش تولید مثل ویژه سن- مرحله رشد (v_{xj})، افراد ماده سفیدبالک گلخانه بیشترین سهم در تشکیل نسل آینده روی گیاه خیار و کیوانو در سن ۲۳ روزگی، به ترتیب به میزان ۲۳/۶ و ۸/۴ نشان دادند (شکل ۳).



شکل ۳- ارزش تولید مثل ویژه سن- مرحله زیستی (V_{xj})، *T. vaporariorum* پرورش یافته روی *C. sativus* و *C. metuliferus*

Fig. 3. Age-stage specific reproductive value (V_{xj}) of *T. vaporariorum* reared on *C. sativus* and *C. metuliferus*

شاخص‌های گیاهی

نتایج حاصل از بررسی ویژگی‌های گیاهی خیار و کیوانو در جدول ۱ ارائه شده است. در تمام موارد، بین میانگین‌های متغیرهای گیاهی در سطح اطمینان ۹۹ درصد، بین دو میزبان تفاوت معنی‌داری مشاهده شد.

جدول ۱- میانگین \pm خطای استاندارد ویژگی‌های ظاهری (ریخت شناسی) و مقدار سبزینه دو گیاه *C. sativus* و *C. metuliferus*

Table 1. Mean (\pm SE) amount of plants morphological characteristics and chlorophyll on *C. sativus* and *C. metuliferus*

Plant	Trichomes Density(25mm ²)	Trichomes Length (μ m)	Stomata Density (5mm ²)	Stomata Cell Area (μ m ²)	Chlorophyll (SPAD)
<i>C. sativus</i>	72.87 \pm 3.80 a	127.69 \pm 6.57 a	54.20 \pm 0.31 a	85.64 \pm 2.03 b	33.05 \pm 0.55 b
<i>C. metuliferus</i>	42.33 \pm 2.75 b	90.85 \pm 8.34 b	38.93 \pm 0.28 b	113.78 \pm 7.38 a	38.88 \pm 0.87 a

حروف متفاوت در هر ستون نشانگر وجود تفاوت معنی‌دار بین تیمارها می‌باشد ($P < 0.01$, Duncan test).

Means followed by different lowercase letters in each column are significantly different, based on Duncan multiple range test ($P < 0.01$).

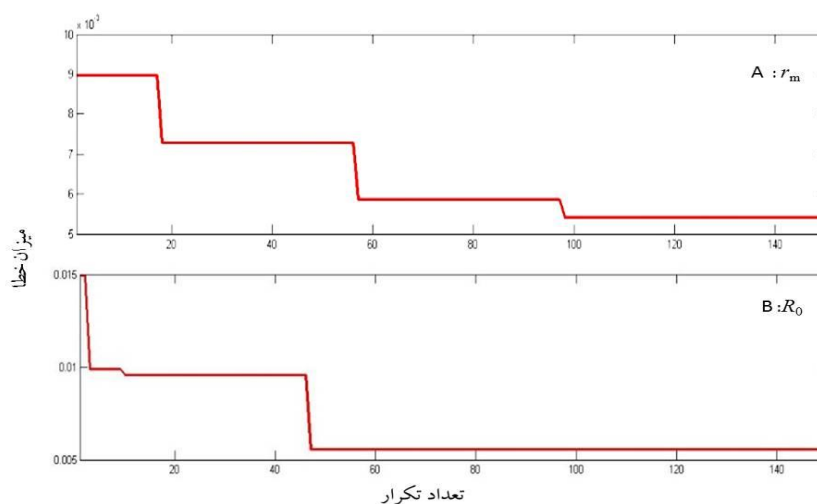
شبکه عصبی

به منظور انتخاب پراسنجه‌های الگوریتم ژنتیک همچون تعداد جمعیت اولیه، احتمال تقاطع و احتمال جهش، الگوریتم چندین بار اجرا شد. نتایج به دست آمده از روش سعی و خطا، بهترین خروجی الگوریتم ژنتیک را با فرض جمعیت اولیه ۱۵۰ کروموزوم، احتمال تقاطع ۰/۹ و احتمال جهش ۰/۱ نشان داد (جدول ۲). برای تدوین شبکه عصبی پیش‌بینی کننده تخمین R_0 و r_m مربوط به سفیدبالک گلخانه، پراسنجه‌های الگوریتم ژنتیک، تنظیم و وزن‌های اولیه شبکه عصبی محاسبه شد. بنابراین به ازای پراسنجه‌های یاد شده، مقدار میانگین مطلق خطای نسبی، Absolute Average Relative Error (AARE) برای مولفه خروجی شبکه عصبی پیشنهادی کمینه شد.

جدول ۲- درصد خطای شبکه عصبی پیشنهادی به ازای پراسنجه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک.

Table 2. Error percentage of proposed neural network with different parameters of genetic algorithms

AARE percentage (%) for r_m	AARE percentage (%) for R_0	Mutation rate	Crossover rate	Population
2.71	2.63	0.4	0.6	50
2.64	2.58	0.3	0.7	50
2.66	2.66	0.2	0.8	50
2.48	2.23	0.1	0.9	50
2.31	2.25	0.4	0.6	100
2.49	2.58	0.3	0.7	100
1.99	1.55	0.2	0.8	100
1.78	1.64	0.1	0.9	100
1.80	1.87	0.4	0.6	150
1.90	1.97	0.3	0.7	150
1.66	1.75	0.2	0.8	150
1.60	1.94	0.1	0.9	150



شکل ۴- روند کاهش خطای شبکه عصبی مصنوعی ترکیب شده با الگوریتم ژنتیک در تکرارهای مختلف به منظور تخمین میزان r_m : A و R_0 : B.

Fig. 4. Error reduction process of artificial neural network MLP optimized with genetic algorithm: estimation of r_m (A), estimation of R_0 (B).

روند کاهش خطای شبکه عصبی مصنوعی ترکیب شده با الگوریتم ژنتیک در تکرارهای مختلف در شکل ۴ نمایش داده شده است و کاملاً مشخص است که بعد از تکرار ۱۰۰، میزان کاهش خطای ثابت مانده و شبکه در تخمین میزان r_m همگرا شده است. در مورد تخمین میزان R_0 ، بعد از تکرار ۵۰ میزان کاهش خطای ثابت مانده و شبکه همگرا شده است (شکل ۴).

نتایج مقایسه آماری میانگین، واریانس و توزیع آماری داده‌های واقعی و پیش‌بینی شده توسط شبکه عصبی به همراه مقادیر P محاسبه شده برای هر مورد در جدول ۳ نشان داده شده است. نتایج حاکی از آن است که بین میانگین ($P > 0.773$)، واریانس ($P > 0.921$) و توزیع آماری ($P = 1.00$) داده‌های واقعی و پیش‌بینی شده توسط شبکه عصبی، در سطح اطمینان ۹۵ درصد، اختلاف معنی داری وجود ندارد. مقدار ($P = 1.00$) در مورد توزیع آماری بین

مقادیر واقعی و مقادیر پیش‌بینی شده بیانگر دقت و توانمندی بالای شبکه عصبی مصنوعی MLP به منظور تخمین R_0 و r_m مربوط به سفیدبالک گلخانه با توجه به ویژگی‌های ظاهری (ریخت شناسی) گیاه میزبان است.

جدول ۳- مقایسه آماری مقادیر واقعی و پیش‌بینی تخمین R_0 و r_m در سفیدبالک گلخانه توسط شبکه عصبی MLP.

Table 3. Statistical comparison between the observed and estimated of R_0 and r_m of greenhouse white-fly by MLP neural

Variable	Utilization phase	Comparisons of means	Comparisons of variance	Comparisons of distribution
R_0	Training Phase	0.773	0.921	1.00
	Test Phase	0.944	1.00	1.00
r_m	Training Phase	0.962	0.981	1.00
	Test Phase	1.00	1.000	1.00

ضرایب تبیین و رابطه خطی رگرسیونی بین مقادیر واقعی در مقابل مقادیر پیش‌بینی شده توسط شبکه عصبی در جدول ۴ ارائه شده است. بر اساس این دو معیار، بهترین نتایج هنگامی حاصل می‌شود که معادله خطی R_0 و r_m واقعی مربوط به سفیدبالک گلخانه و R_0 و r_m پیش‌بینی شده توسط شبکه عصبی، ضریب تبیین بالا، عرض از مبدا کم و شیب نزدیک به یک را نشان دهد. با توجه به جدول ۴، ضرایب تبیین به دست آمده بیشتر از 0.9621 و عرض از مبدا نیز از 0.0036 کمتر است. شیب بالاتر از 0.9329 و حتی مقدار 0.9987 مربوط به فاز آموزش r_m بیانگر قدرت تعمیم‌پذیری شبکه عصبی در تخمین R_0 و r_m مربوط به سفیدبالک گلخانه است.

جدول ۴- رابطه خطی رگرسیونی و ضریب تبیین بین av (مقادیر واقعی داده‌ها) و pv (مقادیر پیش‌بینی شده توسط مدل)

Table 4. Linear regression relationship and coefficient of determination between av (actual value) and pv (predicted value by model)

Variable	Network Utilization phase	Linear regression relationship	R^2
R_0	Training Phase	$pv = 0.9845 av + 0.0031$	0.9939
	Test Phase	$pv = 0.9329 av + 0.0036$	0.9621
r_m	Training Phase	$pv = 0.9987 av + 0.0008$	0.9925
	Test Phase	$pv = 0.9654 av + 0.0025$	0.9710

Absolute Average Relative Error (AARE)

بحث

مطالعات اکولوژی جمعیت از مباحث مهم اکولوژی است که اساس آن مطالعات کمی می‌باشد. پراسنجه‌های رشد جمعیت حشرات از جمله نرخ خالص تولید مثل R_0 و نرخ ذاتی افزایش جمعیت (r_m) جز کمیت‌های حائز اهمیت در مطالعات بیودموگرافی هستند. نرخ ذاتی افزایش جمعیت، (r_m) به عنوان کامل‌ترین پراسنجه زیستی حشرات، در ارزیابی میزان مقاومت آنتی‌بیوزی گیاه علیه حشرات گیاهخوار، انتخاب بهترین میزبان و یا بهترین شرایط محیطی برای پرورش انبوه یک حشره، مقایسه کارایی دو یا چند دشمن طبیعی روی یک میزبان و همچنین در تعیین منحنی‌های رشد کاربرد مهمی دارد. با توجه به اهمیت *T. vaporariorum* به عنوان یکی از آفات مهم گلخانه، بررسی پراسنجه‌های رشد آن در شرایط گلخانه مد نظر قرار گرفت.

نتایج مطالعه حاضر نشان داد که نرخ ذاتی افزایش جمعیت و نرخ خالص تولیدمثل *T. vaporariorum* به طور قابل توجهی تحت تأثیر گیاهان مختلف میزبان قرار گرفت. نتایج گزارش شده توسط Bagheri (2017) و Mirzamohammadzadeh *et al.* (2015) همسو با نتایج تحقیق حاضر است و این موضوع را تایید می‌کند. نرخ

ذاتی افزایش جمعیت شاخص بسیار مناسبی در تعیین تأثیر تیمارهای مختلف به ویژه تأثیر خواص مختلف فیزیکی و شیمیایی گیاه میزبان بر ظرفیت تولید مثل حشرات است (Southwood & Henderson, 2009). در پژوهش حاضر، حشرات پرورش یافته روی خیار بیشترین مقدار r_m را نشان دادند. مقدار r_m بالاتر با باروری بالاتر و مرگ و میر پایین همراه است که برای *T. vaporariorum* پرورش یافته روی خیار با تراکم بالای تریکوم و روزنه صادق است. در همین راستا (Bagheri (2017) نیز بالاترین r_m و R_0 سفیدبالک گلخانه را روی بادمجان با تراکم تریکوم بالاتر گزارش کرد.

کاملاً مشخص شده است که خصوصیات ریخت‌شناسی گیاهان بر عملکرد حشرات تأثیر می‌گذارد (Hare & Elle, 2002). خصوصیتی همچون تعداد تریکوم (Miyazaki et al., 2013)، رنگ سبز برگ (Prado et al., 2016)، ضخامت برگ، طول، ضخامت و نوع تریکوم برگ (Rehman et al., 2020) پراسنجه‌های تأثیرگذاری هستند که ترجیح میزبانی سفیدبالک گلخانه رو توصیف می‌کنند. به اعتقاد (Costa et al., 2008) رابطه ترجیح-عملکرد برای گونه‌های سفیدبالک، به گونه حشره و گیاه میزبان بستگی دارد. آزمایش‌ها نشان داد که ماده‌های *T. vaporariorum* به ویژگی‌های میزبان پاسخ داده و صفات گیاهی از جمله ساختار برگ، بر فعالیت، ترجیح و عملکرد سفیدبالک گلخانه تأثیر می‌گذارد (Inbar & Gerling, 2008). واریته‌های پنبه با تراکم بالای تریکوم میزبان مناسب‌تری برای تخم‌گذاری (*Bemisia tabaci* (Gennadius) است (Cetintas & McAuslane, 2009). *B. tabaci* غالباً روی ارقام پنبه با تریکوم بیشتر تخم‌گذاری می‌کند (Cetintas & McAuslane, 2009). مطالعات متعدد نشان می‌دهد *B. tabaci* و *Trialeurodes abutiloneus* (Haldeman) گیاهان میزبان با تراکم تریکوم بیشتر را ترجیح می‌دهند (Butler & Wilson, 1984; Butler & Henneberry, 1984; Butler et al., 1986; Wilson et al., 1993). همبستگی مثبت و معنی‌داری بین تراکم تریکوم ژنوتیپ‌های پنبه و ترجیح تخم‌گذاری *B. tabaci* گزارش شده است (Miyazaki et al., 2013; Prado et al., 2016; Da Silva Oliveira et al., 2020). دو ویژگی تریکوم می‌تواند جمعیت و خصوصیات تخم‌گذاری *B. tabaci* را تحت تأثیر قرار دهد و روابط مستقیم بین تراکم و طول تریکوم برگ بادمجان با تعداد تخم‌های تولید شده توسط حشرات بالغ *B. tabaci* مشاهده شد (Hasanuzzaman et al., 2016). در تحقیق دیگری نشان داده شده بود که گونه‌های گیاهی که دارای تریکوم‌های بلندتری می‌باشند، در مقایسه با گونه‌هایی که تریکوم‌های کوتاه‌تری دارند، نسبت به سفیدبالک‌ها حساسیت بیشتری دارند (Singh et al., 2002).

در این پژوهش به کارگیری شبکه عصبی بهینه‌سازی شده با الگوریتم ژنتیک، برای پیش‌بینی و تخمین مقادیر r_m و R_0 آفت با در اختیار داشتن شاخص‌های گیاهی میزبان، مورد بررسی قرار گرفت. نتایج مقایسه آماری میانگین، واریانس و توزیع آماری داده‌های واقعی و پیش‌بینی شده توسط شبکه عصبی و مقادیر ضریب تبیین نشان‌دهنده دقت و توانمندی بالا و قدرت تعمیم‌پذیری زیاد شبکه عصبی در تخمین r_m و R_0 مربوط به سفیدبالک گلخانه بود. با توجه به نتایج به دست آمده و وجود اختلاف معنی‌دار r_m و R_0 محاسبه شده آفت بین میزبان گیاهی و همچنین تفاوت معنی‌دار متغیرهای گیاهی مورد بررسی در این دو گیاه، نرخ خالص تولید مثل R_0 و نرخ ذاتی افزایش جمعیت (r_m) آفت تحت تأثیر ویژگی‌های گیاهی ذکر شده قرار گرفته‌است. بر این اساس با در نظر گرفتن این تأثیرپذیری و از طرف دیگر دقت و تعمیم‌پذیری بالای مدل ارائه شده، پیش‌بینی می‌شود، با اندازه‌گیری و آگاهی از متغیرهای گیاهی بررسی شده در شرایط گلخانه (دمای 25 ± 5 درجه سلسیوس، رطوبت نسبی 60 ± 5 درصد و دوره روشنایی طبیعی) روی گیاهان میزبان دیگر، بدون نیاز به پرورش سفیدبالک گلخانه، بتوان نرخ خالص تولید مثل R_0 و نرخ ذاتی افزایش جمعیت (r_m) آن را تخمین زد. حال با مد نظر داشتن آنچه از اهمیت و

کاربرد r_m گفته شد، مدل پیش‌بینی کننده ارائه شده قادر خواهد بود، کاهش هزینه‌ها و صرفه جویی در زمان و انرژی در اجرای برنامه‌های پایش و مدیریت آفات گلخانه‌ای، مهار زیستی و پروژه‌های تحقیقاتی را به دنبال داشته باشد. با توجه به بررسی‌های انجام شده، به نظر می‌رسد، پژوهش حاضر اولین تلاش برای به کارگیری شبکه عصبی مصنوعی به منظور پیش‌بینی R_0 و r_m حشره سفید بالک گلخانه بر اساس ویژگی‌های ظاهری گیاه میزبان می‌باشد.

سپاس‌گزاری

این تحقیق در گروه گیاه‌پزشکی دانشگاه محقق اردبیلی به انجام رسیده که بدینوسیله از معاونت پژوهشی دانشگاه قدردانی می‌شود.

References

- Anonymous** (2018) *Agricultural Statistics Letters, Horticultural Products*. Vol. 1, 95 pp. Office of Statistics and Information Technology, Ministry of Jihad-Agriculture, Tehran, Iran.
- Bagheri, M. R.** (2017) *Some tritrophic level interactions between three host plant species, the greenhouse whitefly, *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) and its two natural enemies*. PhD Thesis, University of Mohaghegh Ardabili, Iran. [In Persian].
- Baldin, E. L., Silva, J. P. & Panniti, L. E.** (2012) Resistance of melon cultivars to *Bemisia tabaci* biotype B. *Horticultura Brasileira* 30(4), 600-606.
- Butler, G. D. Jr & Henneberry, T. J.** (1984) *Bemisia tabaci*: Effect of cotton leaf pubescence on abundance. *Southwestern Entomologist* 9, 91-94.
- Butler, G. D. Jr & Wilson, F.** (1984) Activity of adult whiteflies (Homoptera: Aleyrodidae) within plantings of different cotton strains and cultivars as determined by sticky-trap catches. *Journal of Economic Entomology* 77, 1137-1140.
- Butler, G. D. Jr, Henneberry, T. J. & Wilson, F. D.** (1986) *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) on cotton: Adult activity and cultivar oviposition preference. *Journal of Economic Entomology* 79, 350-354.
- Campos, O. R., Crocomo, W. B. & Labinas, A. M.** (2003) Comparative biology of the whitefly *Trialeurodes vaporariorum* (West.) (Hemiptera - Homoptera: Aleyrodidae) on soybean and bean cultivars. *Neotropical Entomology* 32, 133-138.
- Cetintas, R. & McAuslane, H.** (2009) Effectiveness of parasitoids of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) on cotton cultivars differing in leaf morphology. *Florida Entomologist* 92(4), 538-547.
- Chi, H.** (2019) TWSEX - MSChart: A computer program for the age-stage, two-sex life table analysis. Available from: <http://140.120.197.173/Ecology> (Accessed 12 April 2019).

- Choudhury, S. K. & Bartarya, G.** (2003) Role of temperature and surface finish in predicting tool wear using neural network and design of experiments. *International Journal of Machine Tools and Manufacture* 43, 747-753.
- Costa, H. S., Brown, J. K. & Byrne, D. N.** (2008) Host plant-selection by the whitefly, *Bemisia tabaci* (Gennadius), (Homoptera: Aleyrodidae) under greenhouse conditions. *Journal of Applied Entomology* 112, 146-152.
- da Silva Oliveira, C. E., Hoffmann, L. V., Toscano, L. C., Queiroz, M. S., Zoz, T. & Witt, T. W.** (2020) Resistance of cotton genotypes to silverleaf whitefly (*Bemisia tabaci* [GENNADIUS] Biotype B). *International Journal of Tropical Insect Science* 41(2):1697-707, <https://doi.org/10.1007/s42690-020-00373-8>.
- Freeman, J. & Skapura, D.** (2005) *Neural networks: algorithms, applications, and programming techniques*. 401 pp. Addison-Wesley Publishing.
- Gerling, D. & Mayer, R. T.** (1996) *Bemisia: taxonomy, biology, damage, control and management*. 702 pp. Intercept Publishing.
- Ghahraman, A.** (2003) *Basic botany: explanation and morphology of vegetative organs in large groups of plant world*. 540 pp. Tehran University Press. [In Persian].
- Goldberg, D.** (1999) *Genetic algorithms in search optimization and machine learning*. 1th ed. 570 pp. Addison-Wesley Longman Publishing Company.
- Gotep, J.** (2011) Glycosides fraction extracted from fruit pulp of *Cucumis metuliferus* E. Meyer has antihyperglycemic effect in rats with alloxaninduced diabetes. *Journal of Natural Pharmaceuticals* 2, 48-51.
- Guerfel, M., Baccouri, O., Boujnah, D., Chaïbi, W. & Zarrouk, M.** (2009) Impacts of water stress on gas exchange, water relations, chlorophyll content and leaf structure in the two main Tunisian olive (*Olea europaea* L.) cultivars. *Scientia Horticulturae* 119, 257-263.
- Hare, J. D. & Elle, E.** (2002) Variable impact of diverse insect herbivores on dimorphic *Datura wrightii*. *Ecology* 83, 2711-2720.
- Hasanuzzaman, A. T. M., Islam, M. N., Zhang, Y., Zhang, C. Y. & Liu, T. X.** (2016) Leaf morphological characters can be a factor for intra-varietal preference of whitefly *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) among eggplant varieties. *PloS One* 11(4), p.e0153880.
- Hassoun, M. H.** (1995) *Fundamentals of Artificial Neural Networks*. 501 pp. The MIT Press, Cambridge, US.
- Heykin, S.** (1999) *Neural networks: a comprehensive foundation*. 2^{ed}. 125pp. Oxford University press.
- Inbar, M. & Gerling, D.** (2008) Plant-mediated interactions between whiteflies, herbivores, and natural enemies. *Annual Review of Entomology* 53, 431-448.

- Jimam, N. S., Wannang, N. N., Omale, S. & Gotom, B.** (2010) Evaluation of the hypoglycemic activity of *Cucumis metuliferus* (Cucurbitaceae) fruit pulp extract in normoglycemic alloxaninduced hyperglycemic rats. *Journal of Young Pharmacists* 2(4), 384-387.
- Kaastra, I. & Boyd, M.** (1996) Designing a neural network for forecasting financial and economic time series. *Neurocomputing* 10, 215-236.
- Kaul, M., Hill, R. L. & Walthall, C.** (2005) Artificial neural networks for corn and soybean yield prediction. *Agricultural Systems* 85, 1-18.
- Khezri, S. S.** (2003) *Dictionary of medicinal plants (fruits and vegetables)*. 572 p. Khezir Publication, Sanandaj, Iran. [In Persian].
- Kim, K.** (2006) Artificial neural network with evolutionary instance selection for financial forecasting. *Expert systems with application* 30(3), 519-526.
- Kumar, D. N., Srinivasa, R. K. & Ashok, B.** (2006) Optimal reservoir operation for irrigation of multiple crops using genetic algorithms. *Journal of Irrigation Drainage Engineering* 132, 123-129.
- Lohn J. D., Kraus, W. & Haith, G.** (2002) Comparing a coevolutionary genetic algorithm for multiobjective optimization. In *Proceedings of the 2002 IEEE Congress on Evolutionary Computation. CEC'02 (Cat. No. 02TH8600)* (Vol. 2, pp. 1157-1162). IEEE.
- Manzano, M. R. & van Lenteren, J. C.** (2009) Life history parameters of *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) (Hemiptera: Aleyrodidae) at different environmental conditions on two bean cultivars. *Neotropical Entomology* 38(4), 452-458.
- Mirzamohammadzadeh, S., Iranipour, S., Lotfalizadeh, H. & Jafarloo, M.** (2015) Biological parameters of *Trialeurodes vaporariorum* (Hem.: Aleyrodidae) in four greenhouse cucumber cultivars. *Letter from the Iranian Entomological Association* 34(4), 53-67.
- Miyazaki, J., Stiller, W. N. & Wilson, L. J.** (2013) Identification of host plant resistance to silverleaf whitefly in cotton: implications for breeding. *Field Crops Research* 154, 145-152.
- Mound, L. & Halsey, S.** (1978) *Whitefly of the world: A systematic catalogue of the Aleyrodidae (Homoptera) with host plant and natural enemy data*. 340 pp. John Wiley and Sons, UK.
- Paredis, J.** (1995) The symbiotic evolution of solutions and their representations. pp. 359-365. In: Eshelman, L. (ed), *Proceedings of the sixth international conference on genetic algorithms*. San Mateo, CA: Morgan Kaufmann.
- Prabhaker, N., Toscano, N. C. & Henneberry, T. J.** (1998) Evaluation of insecticide rotations and mixtures as resistance management strategies for *Bemisia argentifolii* (Homoptera: Aleyrodidae). *Journal of Economic Entomology* 91(4), 820-826.

- Prado, J. C., Peñaflor, M. F. G. V., Cia, E., Vieira, S. S., Silva, K. I., Carlini-Garcia, L. A. & Lourenção, A. L.** (2016) Resistance of cotton genotypes with different leaf colour and trichome density to *Bemisia tabaci* biotype B. *Journal of Applied Entomology* 140 (6), 405-413.
- Provvidenti, R. & Robinson, R. W.** (1977) Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus 1 in *Cucumis metuliferus*. *Journal of Heredity* 68, 56-57.
- Rasband, W. S.** (2018) ImageJ. US National Institutes of Health, Bethesda, Maryland, USA, URL: <https://imagej.nih.gov/ij/>. Accessed 5 Dec 2018
- Rehman, H., Bukero, A., Lanjar, A. G. & Bashir, L.** (2020) Investigation of varietal characteristics of tomato plants for determining the diverse preferences of *Bemisia tabaci* (Aleyrodidea: Hemiptera). *Gesunde Pflanzen* 72, 163-170.
- RStudio Team.** (2020) RStudio: Integrated development for R. RStudio, PBC, Boston, MA. Available from: <http://www.rstudio.com/> (Accessed 2 March 2020).
- Shabaninejad, A. & Tafaghodinia, B.** (2017a) Evaluation of the geostatistical and artificial neural network methods to estimate the spatial distribution of *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae) in Ramhormoz cucumber fields. *Journal of Applied Entomology and Pathology* 85 (1), 21-29.
- Shabaninejad, A. & Tafaghodiniya, B.** (2016) Evaluation of LVQ4 artificial neural network model for predicting spatial distribution pattern of *Tuta absoluta* in Ramhormoz, Iran. *Journal of Entomological Society of Iran* 36(3), 195-204.
- Shabaninejad, A. & Tafaghodiniya, B.** (2017b) Automatic clustering of data from sampling and evaluating of neuro-fuzzy network to for estimating the distribution of *Bemisia tabaci* (Hem, Aleyrodidae). *Journal of Entomological Society of Iran* 37, 91-105.
- Singh, D., Jaglan, R. S. & Singh, R.** (2002) Leaf morphological characteristics of brinjal in relation to whitefly incidence. *Haryana Journal of Horticultural Sciences* 31, 289-291.
- Sorensen, J. T., Gill, R. T., Dowell, R. V. & Garrison, R. W.** (1990) The introduction of *Siphoninus phillyreae* (Haliday) (Homoptera: Aleyrodidae) into North America: niche competition, evolution of host plant acceptance and prediction of its potential range in the Nearctic. *Pan-Pacific Entomologist* 66(1), 43- 54.
- Southwood, T. & Henderson, A.** (2009) *Ecological methods*. Blackwell Science Ltd, Oxford, UK.
- Thomas, J. D. & Sycara, K.** (2002) GP and the predictive power of internet message traffic. pp 80-102 in Shu-Heng, C. (Ed.) *Genetic algorithm and genetic programming in computational finance*. 510 pp. Kluwer Academic Publications, NewYork, USA.
- Torrecilla, J. S., Otero, L. & Sanz, P. D.** (2004) A neural network approach for thermal/pressure food processing. *Journal of Food Engineering* 62, 89-95.

- Usman, J. G., Sodipo, O. A., Kwaghe, A. & Sandabe, U. K.** (2015) Uses of *Cucumis melo*: a review. *Cancer Biology* 5, 24-34.
- Vakil-Baghmisheh, M. T. & Pavešić, N.** (2003) Premature clustering phenomenon and new training algorithms for LVQ. *Pattern Recognition* 36, 1901-1921.
- van Lenteren, J. E. & Woets, J.V.** (1988) Biological and integrated pest control in greenhouses. *Annual Review of Entomology* 33(1), 239-269.
- Vellido, A., Liboa, P. J. G. & Vaughan, J.** (2010) Neural networks in Business: a survey of applications. *Expert Systems with Application* 17, 51-70.
- Vondohlen, C. D. & Moran, N. A.** (2002) Molecular phylogeny of the Homoptera– a paraphyletic taxon. *Journal of Molecular Evolution* 41, 211-223.
- Wilson, F. D., Flint, H. M., Stapp, B. R. & Parks, N. J.** (1993) Evaluation of cultivars, germplasm lines, and species of *Gossypium* for resistance to biotype-B of sweet-potato whitefly (Homoptera: Aleyrodidae). *Journal of Economic Entomology* 86, 1857-1862.
- Yuxin M., Mulla, D. J. & Pierre, C. R.** (2006) Identifying important factors influencing corn yield and grain quality variability using artificial neural networks. *Precision Agriculture* 7, 117-135.
- Zhang, Y. F. & Fuh, J. Y. H.** (1998) A neural network approach for early cost estimation of packaging products. *Computers and Industrial Engineering* 34, 433-50.
-