



ژنوم حشرات طرحی برای اکوسیستم های پایدار

فاطمه عبدالاحدی، سمانه یاری

دکتری حشره شناسی کشاورزی، کارشناسان ارشد موسسه تحقیقات گیاه پزشکی کشور



چکیده

بررسی تنوع ژنتیکی حشرات یک چالش حیاتی است، که نیاز به توجه فوری دارد. این بررسی با استفاده از نشانگرهای مولکولی و ژنتیک جمعیت، به دنبال پر کردن شکاف های دانش موجود است. حشرات دارای جایگاهی بسیار مهم در دنیای اطراف ما هستند. تعداد زیاد و پراکنش گسترده آن ها به طور قابل توجهی به تنوع زیستی، تنوع زیستی، تنوع حیات بر روی زمین، مفهومی است که غنا و تنوع گونه های موجود در اکوسیستم ها را در بر گرفته و معیاری از تنوع ژنتیکی درون و بین گونه هاست. مطالعه تنوع ژنتیکی حشرات برای حفظ تنوع زیستی، حفاظت از حشرات و مدیریت موثر آفات بسیار مهم است. این مطالعه می تواند اطلاعاتی درباره نحوه سازگاری جمعیت حشرات در برابر تغییرات محیطی ارائه دهد، و به شناسایی صفات کلیدی برای استراتژی های حفاظت و مدیریت آفات کمک کند. پیشرفت ها در فن آوری های ژنتیکی راه حل های امیدوارکننده ای را برای مدیریت پایدار آفات ارائه می دهند. این مقاله به اهمیت چندوجهی مطالعه تنوع ژنتیکی حشرات، با تاکید ویژه بر پیامدهای آن برای تنوع زیستی و مدیریت پایدار آفات می پردازد.

کلید واژه ها: تنوع ژنتیکی، کاهش حشرات، ژنومیک حفاظتی، اکوسیستم.



چکیده

در مواجهه با طبیعت تحت محاصره، ما در پرتگاه عصر جدیدی ایستاده ایم، جایی که خلاقیت و فن آوری در هم تنیده می شوند تا برای اکوسیستم ها مسیری را به سوی پایداری و انعطاف پذیری ایجاد کنند. در ۱۰۰۰۰ سال گذشته جمعیت انسان از ۱ میلیون نفر به ۷.۸ میلیارد نفر رسیده، و بسیاری از زمین های قابل کشت، در حال حاضر به منظور کشاورزی استفاده می شوند (Raven & Wagner, 2021; Wagner, Grames, Forister, Berenbaum, & Stopak, 2021). در این میان گرچه گزارش های متعددی توجه را به کاهش فراوانی حشرات و غنای گونه ای جلب کرده است. اما این موضوع که آیا میزان کاهش حشرات برابر با سایر گروه هاست یا بیشتر از آن، ناشناخته باقی مانده است. هنوز مطالعات کمی درباره میزان کاهش در مناطقی با تراکم و فعالیت انسانی بالا - در مقایسه با مناطق کم جمعیت و بکر گزارش شده است.

(2020, van Klink, Bowler, Gongalsky, Swengel, & Chase). داده های جمعیتی بلند مدت در سطح گونه ها نیز از مناطق استوایی، جایی که بطور قابل توجهی بیش از نیمی از گونه های حشرات در جهان وجود دارند، کافی نیست. (2021, Wagner et al; 2020, García-Robledo et al).

برای بررسی اطلاعات در مورد وضعیت جهانی حشرات، انجمن حشره شناسی آمریکا سمپوزیومی را در نشست سالانه خود در سنت لوئیس، میسوری، در نوامبر ۲۰۱۹ برگزار کرد، که هدف آن جمع آوری کارشناسان جهانی در زمینه تنوع زیستی و درخواست از آن ها برای گزارش در مورد روند جمعیت حشرات بوده است. از طرفی همه حشرات در حال کاهش نیستند. به عنوان مثال در چندین مقاله به مواردی از گروه های حشرات اشاره شده، که جمعیت آن ها تغییر نکرده یا به وفور افزایش یافته است (Fox et al, 2014, Schowalter, Pandey, Presley, Willig, & Zimmerman; 2014, Wagner et al; 2021, Warren et al; 2021).

تحلیل شانزده مطالعه نشان داده است که جمعیت حشرات در چهل سال گذشته حدود ۴۵ درصد کاهش یافته است. این کاهش تهدیدی برای اکوسیستم ها و کشاورزی است (Boggs, 2024). حشرات با حدود ۵,۵ میلیون گونه، متنوع ترین گروه جانوران روی کره زمین هستند. بیش از یک میلیون از آن ها توسط دانشمندان نامگذاری شده است، و بسیاری دیگر هنوز کشف نشده اند. در واقع حشرات ۸۰ درصد از جانوران روی زمین را تشکیل می دهند. حشرات گرده افشان های اولیه گیاهان گلدار هستند، علاوه بر گرده افشانی حدود ۷۵ درصد از محصولات جهان، (ارزشی معادل ۶۰۰ میلیارد دلار)، تولیدمثل گونه های گیاهی بی شماری را تسهیل کرده و در نتیجه تکثیر محصولات غذایی و گیاهان وحشی را به طور یکسان تضمین می کنند. نقش آن ها در تجزیه مواد آلی به همان اندازه حیاتی و در نتیجه بر پوشش گیاهی نیز اثرگذار هستند (Crespo-Pérez, Kazakou, Roubik, & Cárdenas, 2020).

۱- بررسی کاهش جمعیت حشرات: عوامل اکولوژیکی و انسانی



کاهش حشرات در طبیعت موضوع پیچیده ای است که عوامل متعددی در آن نقش دارند. علل اولیه عبارتند از:

۱-۱. شهرنشینی و گسترش کشاورزی

کشاورزی مدرن اغلب شامل کشت یک محصول واحد در منطقه های بزرگ است. این عمل باعث اختلال در اکوسیستم های طبیعی، که حشرات در آن رشد می کنند، می گردد، زیرا تنوع گیاهانی را که از طیف وسیعی از گونه های حشرات حمایت می کنند، از بین می برد. فقدان تنوع گیاهی، یافتن زیستگاه، غذا و جفت مناسب را برای حشرات دشوار کرده و منجر به کاهش جمعیت آن ها می شود. از طرف دیگر استفاده بیش از حد از آفت کش های شیمیایی می تواند به حشرات و زیستگاه آن ها آسیب برساند و از طریق فشار انتخابی علیه حشرات غیر هدف منجر به کاهش تنوع ژنتیکی گردد. از بین رفتن زیستگاه های طبیعی به دلیل جنگل زدایی و شهرنشینی منجر به تکه تکه شدن زیستگاه ها شده و دسترسی محیط های مناسب برای حشرات را کاهش می دهد. پسماندهای صنعتی، به ویژه در مناطق شهری، می توانند آب و خاک را آلوده کرده و به جمعیت حشرات و زیستگاه آن ها آسیب برساند. نور مصنوعی، به ویژه در مناطق شهری، می تواند رفتار حشرات را مختل کرده و بر چرخه تولیدمثل و تنوع ژنتیکی آن ها تأثیر بگذارد. این دلایل و عوامل دیگر اغلب بر هم اثر گذاشته و یک اثر آبخاری ایجاد می کنند که می تواند منجر به کاهش قابل توجه در تنوع ژنتیکی حشرات شود که پیامدهایی برای اکوسیستم ها و تنوع زیستی به همراه دارد. (Crews, Carton, & Olsson; 2018, Raven & Wagner; 2021).

۲-۱. تغییرات آب و هوایی

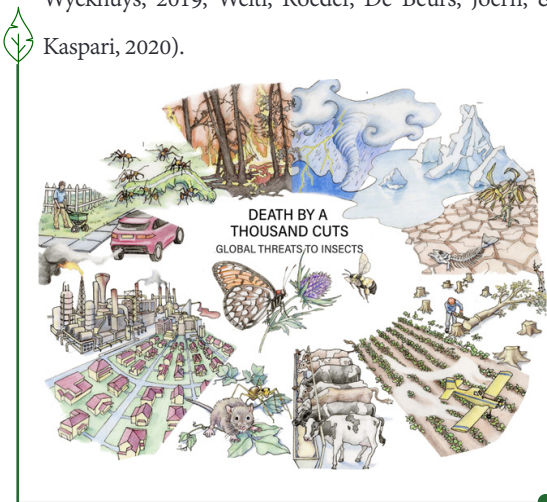
گرم شدن کره زمین، شرایط آب و هوایی را که بسیاری از گونه‌های حشرات برای بقا به آن نیاز دارند، تغییر می‌دهد. حشرات به تغییرات دما حساس هستند و با گرمتر شدن آب و هوا، شرایط زیستگاه برای رشد جمعیت حشرات نامناسب می‌شود. تغییر در الگوهای دما و بارش نیز می‌تواند در دسترس بودن منابع غذایی و شرایط مناسب زندگی برای حشرات را تغییر داده و به طور بالقوه کاهش تنوع ژنتیکی را به همراه دارد (Halsch et al., 2021; Wagner et al., 2021).

۳-۱. گونه‌های گیاهی جدید و حشرات غیر بومی

از دست دادن زیستگاه و معرفی گونه‌های گیاهی جدید می‌تواند شبکه‌های گرده‌افشانی را مختل کرده و بر تولیدمثل و تنوع ژنتیکی حشرات تأثیر بگذارد (Sánchez-Bayo & Wyckhuys, 2019).

حشرات غیر بومی وارد شده به محیط‌های جدید می‌توانند از گونه‌های بومی سبقت بگیرند که منجر به کاهش تنوع ژنتیکی شده و به طور بالقوه باعث انقراض محلی می‌شوند. در کنار این مسائل بیماری‌ها و عفونت‌های انگلی می‌توانند جمعیت حشرات و تنوع ژنتیکی را کاهش دهند.

(Boyes, Evans, Fox, Parsons, & Pocock, 2021; Dar et al., 2021; Owens & Lewis, 2018; Sánchez-Bayo & Wyckhuys, 2019; Welti, Roeder, De Beurs, Joern, & Kaspari, 2020).



گونه‌های خاصی از حشرات وجود دارند که نسبت به سایرین در برابر کاهش تنوع ژنتیکی آسیب‌پذیرتر هستند. آسیب‌پذیری گونه‌های حشرات در برابر این کاهش می‌تواند بر اساس نقش‌های اکولوژیکی، ترجیحات زیستگاهی و سازگاری ژنتیکی آن‌ها با عوامل استرس زا متفاوت باشد. بررسی ژنومیک حشرات برای حفاظت از آن‌ها یک رویکرد امیدوارکننده برای شناسایی و توجه به گونه‌های آسیب‌پذیر حشرات در برابر کاهش تنوع ژنتیکی است. این موضوع شامل تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی برای درک نوسانات جمعیتی گذشته و بررسی کاهش‌های اخیر سطوح ژنتیکی جمعیت‌های مختلف می‌باشد.

(Webster, Beaurepaire, Neumann, & Stolle, 2023).

۲- عوامل ارزیابی کاهش تنوع ژنتیکی



تنوع ژنتیکی یکی از ابعاد کلیدی تنوع زیستی است (PIMM, RUSSELL, GITTLEMAN, & BROOKS, 1995) برای اندازه‌گیری کاهش تنوع ژنتیکی، معیارها و روش‌های متعددی با تمرکز بر اندازه جمعیت مؤثر (Ne) و ساختار ژنتیکی جمعیت وجود دارد

۲-۱. جمعیت مؤثر (Ne)

این یک معیار حیاتی است که تعداد افراد یک جمعیت را که از نظر ژنتیکی متمایز هستند، منعکس می‌کند. اندازه جمعیت مؤثر کوچکتر نشان دهنده احتمال بالاتر همخونی، رانش ژنتیکی و تثبیت بالقوه آلل‌های مضر است که منجر به کاهش تنوع ژنتیکی و پتانسیل سازگاری می‌شود. جمعیت مؤثر معمولاً کوچکتر از اندازه جمعیت سرشماری است و میزان تنوع ژنتیکی را تعیین می‌کند (Husemann, Zachos, Paxton, & Habel, 2016).

۲-۲. تنوع ژنتیکی و ساختار ژنتیکی جمعیت:

تنوع ژنتیکی یک جمعیت ارتباط نزدیکی با ساختار ژنتیکی جمعیت آن دارد. این شامل درجه تمایز بین افراد در یک جمعیت و میزان جریان ژن بین جمعیت‌ها است. کاهش تنوع ژنتیکی را می‌توان از طریق تغییر در عدم تعادل پیوندی، ضرایب همخونی و فراوانی آلل‌ها مشاهده کرد (Hoffmann et al, 2021). کاهش تنوع ژنتیکی در حشرات، و در واقع در همه گونه‌ها، موضوعی چندوجهی با عوامل متعددی است. در این میان، عواملی مانند همخونی و بار جهش برجسته تر می‌باشند. همخونی، که در جمعیت‌های کوچک و جدا شده رخ می‌دهد، می‌تواند با افزایش احتمال هموزیگوت شدن جهش‌های مضر، منجر به کاهش توانایی یک گونه برای بقا و تولید مثل شود. علاوه بر این، تجمع جهش‌های مضر در یک جمعیت، می‌تواند به طور قابل توجهی منجر به اندازه‌های کوچکتر جمعیت و افزایش خطر انقراض شود.

۲-۳. شناسایی مهاجران:

حضور مهاجران از سایر جمعیت‌ها می‌تواند به حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیتی با جمعیت مؤثر کوچک کمک کند. با ارزیابی احتمال ژنوتیپ چند لوکوس هر فرد در جمعیت مربوطه، محققان می‌توانند مهاجران را شناسایی کرده و سهم مهاجرت در تنوع ژنتیکی را تخمین بزنند. این روش شامل استفاده از ابزارهای محاسباتی مانند v2.0 geneclass2 و نمونه برداری مجدد مونت کارلو برای محاسبه احتمال مهاجر بودن هر فرد است (Piry et al, 2004).

۲-۴. مقایسه داده‌های قدیم و جدید:

مقایسه داده‌های ژنتیکی از نمونه‌های تاریخی و معاصر می‌تواند بینشی در مورد کاهش تنوع ژنتیکی ارائه دهد. این مقایسه شامل تجزیه و تحلیل تغییرات در فراوانی آللی و حضور مهاجران در طول زمان است. (García-Berro et al, 2023).



در حالی که عوامل ژنتیکی در کاهش تنوع ژنتیکی نقش دارند، لازم است بدانیم که عوامل غیر ژنتیکی، مانند تخریب زیستگاه، تغییرات آب و هوا و آلودگی، محرک‌های اصلی انقراض گونه‌ها به شمار می‌روند. بنابراین، در حالی که تنوع ژنتیکی برای بقای بلندمدت گونه‌ها حیاتی است، پرداختن به تهدیدات غیر ژنتیکی، فوری‌ترین و مؤثرترین استراتژی برای تلاش‌های حفاظتی است.

مطالعه تنوع ژنتیکی حشرات به ویژه برای مطالعه در مناطق و اکوسیستم‌هایی که به دلیل فعالیت‌های انسانی مانند کشاورزی، توسعه شهری و تغییرات آب و هوایی دستخوش تغییرات قابل توجهی هستند، اهمیت دارد. این مناطق اغلب تغییرات سریعی را در کاربری زمین تجربه می‌کنند که می‌تواند به طور قابل توجهی بر جمعیت حشرات و ساختار ژنتیکی آن‌ها تأثیر بگذارد. مطالعات نشان داده‌اند که شیوه‌های کشاورزی تنوع ژنتیکی حشرات آبی را کاهش داده است. با این حال، مناطقی که از کشاورزی به استفاده‌های دیگر تغییر کرده‌اند، مانند محیط‌های شهری، سطوح بالاتری از تنوع ژنتیکی را در جمعیت‌های حشرات آبی نشان می‌دهند که نشان‌دهنده یک فعالیت بالقوه بازیابی پس از کشاورزی است (Atmore & Buss, 2023).

۳-۲- ارزیابی تأثیر کاهش تنوع ژنتیکی بر سلامت اکوسیستم



اندازه‌گیری تأثیر کاهش تنوع ژنتیکی در میان حشرات بر سلامت اکوسیستم و تنوع زیستی شامل ترکیبی از رویکردهای زیست‌شناسی اکولوژیکی، ژنتیکی و حفاظتی است. چندین روش وجود دارد، که برای ارزیابی مورد استفاده قرار می‌گیرند.

۳-۱- شاخص‌های اکولوژیکی:

نظارت بر تغییرات نقش‌های اکوسیستمی ارائه شده توسط حشرات، مانند گرده‌افشانی، تجزیه و کنترل آفات، می‌تواند شاخص‌های مستقیمی از تأثیر کاهش تنوع ژنتیکی ارائه دهد. به عنوان مثال، ارزیابی عملکرد محصول، سلامت خاک و فراوانی آفات می‌تواند به کمیت تأثیرات اکولوژیکی کمک کند. (Fox et al, 2014).

۳-۲- معیارهای تنوع زیستی:

استفاده از شاخص‌های تنوع زیستی، مانند غنای گونه‌ای (این شاخص تعداد کل گونه‌ها را در یک منطقه یا اکوسیستم معین، اندازه‌گیری می‌کند) و شاخص یکنواختی (این شاخص تعادل فراوانی گونه‌ها را در یک اکوسیستم ارزیابی می‌کند). توزیع بسیار نابرابر گونه‌ها، که در آن گونه‌های کمی غالب و گونه‌های دیگر نادر هستند، می‌تواند نشان‌دهنده از بین رفتن تنوع ژنتیکی باشد. این دو می‌تواند به اندازه‌گیری تأثیر کاهش تنوع ژنتیکی بر تنوع زیستی کلی اکوسیستم‌ها کمک کند. کاهش تنوع زیستی می‌تواند نشان‌دهنده از بین رفتن تنوع ژنتیکی در بین حشرات باشد.

(Landmann et al, 2023).

۳-۳. پویایی جمعیت:

تجزیه و تحلیل تغییرات در اندازه و روند جمعیت حشرات در طول زمان می تواند بینشی در مورد سلامت اکوسیستم ها ارائه دهد. کاهش جمعیت حشرات می تواند نشان دهنده کاهش تنوع ژنتیکی باشد، زیرا ممکن است منجر به کاهش انعطاف پذیری جمعیت و افزایش آسیب پذیری در برابر تغییرات محیطی شود. (Wagner et al., 2021).

۳-۴. ارزیابی وضعیت حفاظتی:

ارزیابی وضعیت حفاظتی گونه های حشرات، از جمله فهرست بندی آنها در دسته های حفاظتی (به عنوان مثال، در معرض خطر، آسیب پذیر و ...)، می تواند معیاری از تأثیر کاهش تنوع ژنتیکی بر تنوع زیستی ارائه دهد. این را می توان از طریق پایگاه های اطلاعاتی ملی و بین المللی انجام داد که وضعیت حفاظتی گونه ها را ردیابی می کنند.

۳-۵. مدل سازی:

استفاده از مدل های اکولوژیکی برای پیش بینی تأثیرات بالقوه کاهش تنوع ژنتیکی بر خدمات اکوسیستم و تنوع زیستی می تواند به درک پیامدهای گسترده تر این کاهش کمک کند. این مدل ها می توانند داده های مربوط به جمعیت حشرات، خدمات اکوسیستم، و استراتژی های حفاظتی را برای پیش بینی سناریوهای آینده ترکیب کنند. با ترکیب این روش ها، محققان می توانند درک جامعی از تأثیر کاهش تنوع ژنتیکی در میان حشرات بر سلامت اکوسیستم و تنوع زیستی به دست آورند. این رویکرد چند وجهی امکان ارزیابی دقیق تری از پیامدهای زیست محیطی و حفاظتی کاهش تنوع ژنتیکی حشرات را فراهم می کند.

(Mimura; 2021, Hoban et al; 2022, Hoban et al; 2024, Beaurepaire, Webster, & Neumann)
(Oliver et al; 2017, et al)

ارزیابی تأثیر کاهش تنوع ژنتیکی بر سلامت اکوسیستم به چند دلیل حیاتی است. تنوع ژنتیکی برای انعطاف پذیری اکوسیستم ها اساسی است و گونه ها را قادر می سازد تا با محیط های در حال تغییر، از جمله محیط هایی که تحت تأثیر تغییرات آب و هوایی، آفات جدید و بیماری ها قرار گرفته اند، سازگار شوند. تنوع ژنتیکی همچنین از انعطاف پذیری و بازیابی اکوسیستم ها پشتیبانی می کند. از دست دادن سریع تنوع ژنتیکی، ناشی از عوامل انسانی، انعطاف پذیری اکوسیستم ها و خدمات ارائه شده توسط آن ها را تهدید می کند و نیاز به ارزیابی ها و پایش جامع تنوع ژنتیکی برای اطمینان از سلامت و پایداری اکوسیستم ها را برجسته می کند.



۴- روند مطالعات ژنتیکی



مطالعات اولیه بر مکانیسم‌های ژنتیکی اساسی، که باعث ایجاد گونه‌زایی و تمایز جمعیت در بین حشرات می‌شود، تمرکز داشتند و زمینه را برای درک اساس ژنتیکی تنوع زیستی فراهم می‌کردند. تحقیقات جدیدتر به منظور بررسی تأثیر تنوع ژنتیکی بر فرآیندهای اکولوژیکی، مانند مقاومت در برابر گونه‌های مهاجم و سازگاری با محیط‌های در حال تغییر گسترش یافته است. در پی پیشرفت‌های مداوم در فن آوری‌های توالی‌یابی، ژنوم‌های حشرات متعددی توالی‌یابی شده‌اند. (Li et al., 2019)

مطالعات نشان داده‌اند که تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های حشرات می‌تواند مزایایی را برای بقا در شرایط مختلف ایجاد کند. به عنوان مثال، وجود تنوع ژنتیکی امکان بیان طیف وسیعی از فنوتیپ‌ها را فراهم می‌کند و این احتمال را افزایش می‌دهد که برخی از افراد دارای ویژگی‌های مفید برای بقا در محیط‌های جدید باشند. با وجود شواهدی که اهمیت تنوع ژنتیکی را برجسته می‌کند، کمبودهای قابل توجهی در درک و مطالعات ما وجود دارد. (Severson & Behura, 2012; King & Lively, 2016; Gloss, Groen, & Whiteman, 2012)

یکی از این کمبودها، فقدان مطالعات ژنتیکی جامع در طیف گسترده‌ای از گونه‌های حشرات است که توانایی ما را برای تعمیم یافته‌ها و اعمال آن‌ها در استراتژی‌های حفاظتی گسترده‌تر، محدود می‌کند. شواهد تجربی محدود در مورد نشانگرهای ژنتیکی خاص مرتبط در زمینه‌های مختلف اکولوژیکی، یکی دیگر از زمینه‌های است که نیازمند تحقیق بیشتر است. علاوه بر این، تلاقی تنوع ژنتیکی و فعالیت‌های انسانی، به‌ویژه آن‌هایی که مربوط به کشاورزی و شهرنشینی است، نادیده گرفته شده است. تأثیر این فشارهای انسانی بر تنوع ژنتیکی حشرات و پیامدهای اکولوژیکی ناشی از آن مستلزم بررسی بیشتر است.

(Filazzola et al., 2024; Webster et al., 2023).

همان‌طور که اشاره شد، مطالعات ژنتیکی جامع در طیف گسترده برای توصیف، نظارت و حفظ حیات روی زمین ضروری است. تا به امروز، تلاش‌ها برای نقشه‌برداری الگوهای کلان ژنتیکی محدود به مهره‌داران بوده است که تنها بخش کوچکی از تنوع زیستی زمین را تشکیل داده‌اند.

(Baini & De Biase, 2023).

۵- مروری بر تعدادی از مطالعات ژنتیکی انجام شده



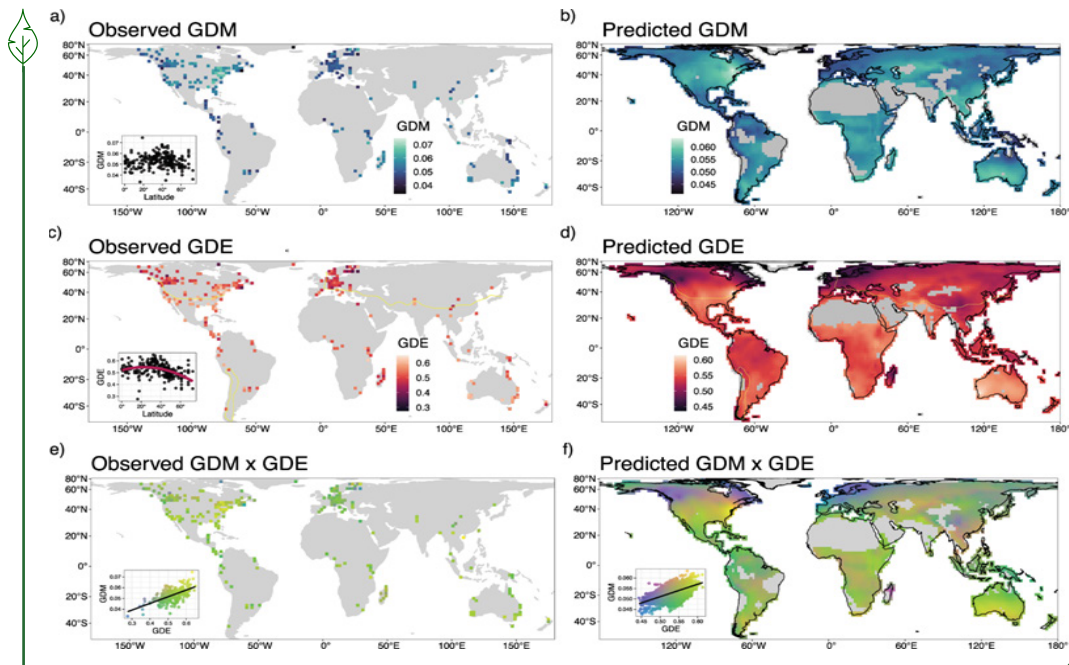
مطالعات موردی متعددی که در اینجا توضیح داده شده است، تأثیر رو به رشد علم بررسی ژنتیک حشرات و همچنین اهمیت سیستم‌های مدل حشرات را برای درک مفاهیم کلی در اکولوژی و مدیریت آفات نشان می‌دهد.

در یکی از مطالعات انجام شده بر روی تنوع ژنتیکی حشرات، میانگین تنوع ژنتیکی میتوکندری (genetic diversity mean (GDM) و یکنواختی تنوع ژنتیکی (genetic diversity evenness (GDE) مجموعه‌های حشرات در قسمت‌های مختلف دنیا محاسبه و همبستگی‌های محیطی شناسایی شده است. بررسی بیش از ۲ میلیون توالی نشان داده که یکنواختی تنوع ژنتیکی میتوکندری از یک گرادیان عرضی درجه دوم پیروی می‌کند که در مناطق نیمه-گرمسیری به اوج خود رسیده و در نزدیکی استوا و به سمت قطب‌ها کاهش می‌یابد. تنوع ژنتیکی میتوکندری و یکنواختی با دمای گرم فصلی و همچنین ثبات آب و هوا از آخرین حداکثر یخبندان همبستگی مثبت نشان داده است. این تحقیق عوامل محیطی را که با تنوع ژنتیکی میتوکندریایی، از جمله دما و ثبات آب و هوا، مرتبط هستند، شناسایی کرده است. این عوامل برای درک الگوهای تنوع ژنتیکی حشرات در سراسر جهان بسیار مهم هستند. نتایج اهمیت تنوع ژنتیکی میتوکندری را به عنوان یک جزء تنوع زیستی، به ویژه برای حشرات، که با عملکردها و خدمات اکوسیستم مرتبط هستند، برجسته کرده و بر نیاز به تحقیقات بیشتر برای ارزیابی این تنوع برای طیف گسترده‌تری از گونه‌ها تأکید می‌کند (French et al., 2023).

استفاده از داده‌های محیطی برای پیش‌بینی سطوح تنوع ژنتیکی میتوکندری در این مطالعه برای مناطقی که نمونه‌برداری در آن انجام نشده بود، گام مهمی در جهت درک الگوهای جهانی تنوع زیستی در حشرات است (شکل ۲).

(Lu, Chang, Lemos, Zhang, & MacIntosh, 2020). تحقیقات انجام شده در ایران در مورد تنوع ژنتیکی حشرات، بینش ارزشمندی در مورد توزیع و تنوع ژنتیکی گونه‌های خاص در داخل کشور ارائه داده است. پشه *Aedes aegypti* (Linnaeus) ناقل بیماری‌های خطرناک تب دنگ، زیکا و چیکونگونیا است که با گزیده شدن توسط ماده این نوع پشه به انسان انتقال می‌یابد و هر ساله باعث بیماری چندین میلیون نفر و مرگ چند هزار تن در جهان می‌شود. زیستگاه این پشه مناطق استوایی و مرطوب گرمسیری است. این پشه سال ۲۰۱۸ در ایران در استان هرمزگان شناسایی شد، اما اطلاعات در مورد تنوع ژنتیکی این حشره همچنان کمیاب است.

نتایج مطالعه‌ای که با هدف تعیین منشأ و تنوع ژنتیکی این حشره با بررسی DNA میتوکندری در کشور صورت گرفته، نشان داد که این گونه دارای تنوع ژنتیکی کم و احتمالاً از طریق مسیرهای تجارت بین المللی از کشور پاکستان و عربستان وارد کشور شده است.



۲- نقشه های جهانی تنوع ژنتیکی مشاهده شده و پیش بینی شده (French et al., ۲۰۲۳)
(توزیع های مشاهده شده (a, c, e) پیش بینی شده (b, d, e)، تنوع ژنتیکی میانگین (a, b) (GDM)، یکنواختی (GDE) (c, d) و ترکیب آنها (e, f) سراسر جهان)

این یافته ها بر اهمیت مطالعات بیشتر برای درک تنوع ژنتیکی و استراتژی های مدیریت موثر علیه این گونه و همچنین جلوگیری از گسترش آن به سایر مناطق ایران تاکید می کند (Paksa et al., 2024). مطالعات کمی روی تنوع و ساختار ژنتیکی دشمنان طبیعی آفات که به عنوان عوامل کنترل زیستی نیز شناخته می شوند، در کشور انجام شده است. در پژوهشی که با هدف مقایسه تنوع ژنتیکی جمعیت های بالثوری سبز *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae) با استفاده از نشانگر های ریزماهوره ای (ISSR) در کشور انجام شده است. در این مطالعه جمعیت های مختلف این حشره از چهارده استان کشور مورد بررسی قرار گرفته است.

نتایج جمعیت های مورد مطالعه را در سه گروه قرار داده است. مقادیر عددی فاصله ژنتیکی بین جمعیت ها پایین و تعداد ۱۹ هاپلوتیپ از بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت های مختلف *Chrysoperla carnea* با استفاده از DNA میتوکندریایی گزارش شده است. از طرفی نتایج گروه بندی جمعیت های جغرافیایی *Chrysoperla carnea* نشان داده که مناطق جنوبی و مرکزی کشور از تنوع هاپلوتیپی کمتری نسبت به مناطق شمالی برخوردار هستند. چنین ساختار ژنتیکی می تواند نتیجه استقرار یک اکوسیستم کشاورزی یکنواخت و انتقال حشرات توسط انسان باشد که منجر به جریان ژن بالا و کاهش اختلاف ژنتیکی حتی در فواصل جغرافیایی می شود.

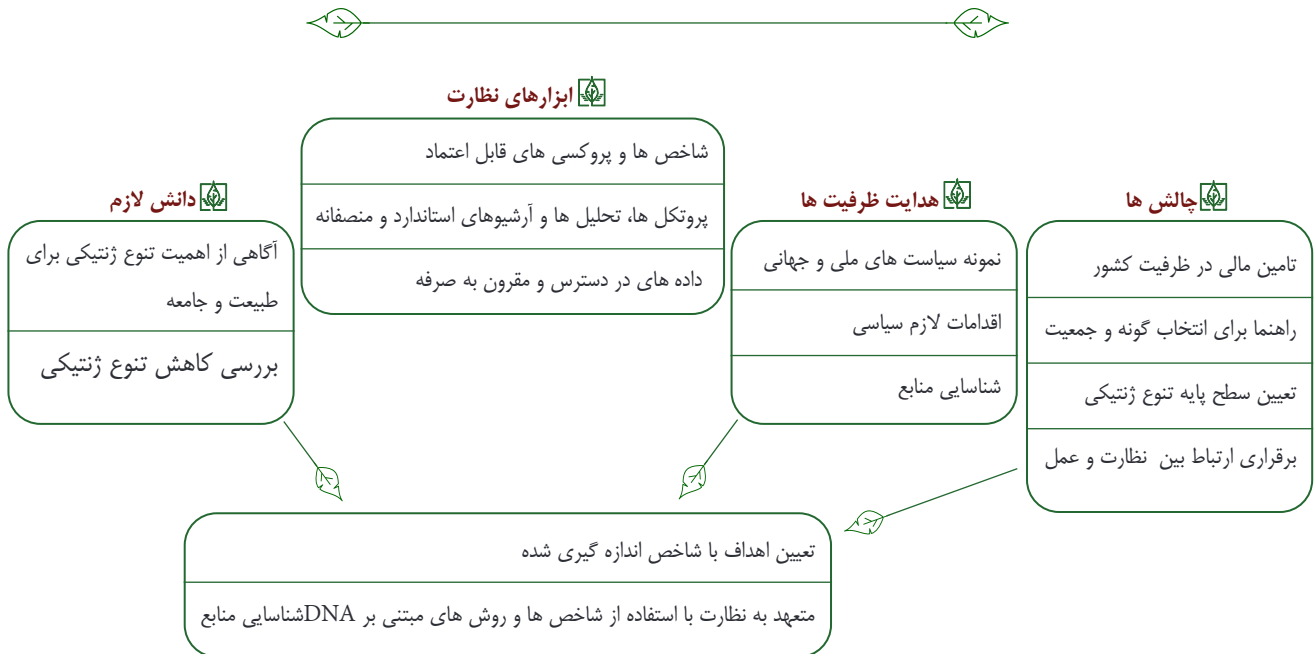
این مطالعه اولین بررسی این گونه با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره در کشور بوده که توانسته کارایی این روش در بررسی پلی مورفیسم این گونه را نشان دهد. اهمیت این مطالعه از این واقعیت به خوبی شناخته می شود که سازگاری هر جمعیت بستگی به پتانسیل فنوتیپی و اکولوژیکی آن دارد و موفقیت در زمینه کنترل آفات توسط یک عامل بیولوژیک به طور مستقیم به انتخاب جمعیت مناسب بستگی دارد و زمانی ایجاد می شود که عوامل فشار محیطی با ظرفیت های مربوط مطابقت داشته باشند بنابراین دانستن ساختار ژنتیکی آن ها در فرایند انتخاب جمعیت کنترل آفات اهمیت زیادی دارد (Abdolahadi, Mirmoayedi, Zaraei, & Jamali, 2022; Channuntapipat, Sedgley, & Collins, 2001).

تحقیقات تنوع ژنتیکی اجرای برنامه های اصلاحی انتخابی را در تولید تجاری حشرات امکان پذیر می کند (Legros et al., 2021). با درک پارامترهای ژنتیکی صفات مهم اقتصادی، پرورش دهندگان می توانند تولید حشرات را برای مصارف خاص، مانند عوامل تبدیل زیستی یا مواد اولیه، بهینه کنند. این رویکرد می تواند منجر به افزایش بهره وری و کارایی در عملیات پرورش حشرات شود.

کاربردهای تجاری تحقیقات تنوع ژنتیکی در حشرات طیف وسیعی از صنایع، از کشاورزی و مدیریت آفات گرفته تا مدیریت ضایعات و تولید مواد غذایی را در بر می گیرد. حشرات به دلیل پتانسیلشان در تبدیل ضایعات آلی به زیست توده با ارزش هستند. تحقیقات تنوع ژنتیکی نوید بهینه سازی سوبه های حشرات را برای فرآیندهای تبدیل زیستی کارآمد، افزایش کاربرد آن ها در مدیریت پسماند و زیست پایایی را می دهد با توجه به افزایش علاقه به منابع پروتئینی پایدار، حشرات به عنوان جایگزین مناسب مورد بررسی قرار می گیرند. بهبودهای ژنتیکی می تواند محتوای تغذیه ای حشرات را افزایش دهد و آن ها را به عنوان یک ماده غذایی یا خوراک جذاب تر کند. تحقیق در مورد تنوع ژنتیکی به انتخاب صفاتی مانند نرخ رشد، ترکیب مواد مغذی و زنده ماندن برای تولید تجاری کمک می کند (Hansen et al., 2024).

در بررسی که در سال ۲۰۲۱ صورت گرفته، سیاست ها و اقدامات جهانی یکی از سه ستون اصلی حفاظت و نظارت بر تنوع ژنتیکی معرفی شده است و توجه کم به تنوع ژنتیکی عمدتاً به دلیل شکاف دانش در زمینه های کلیدی از جمله اهمیت تنوع ژنتیکی، هزینه های بالا و در دسترس بودن کم و ماهیت پراکنده داده های ژنتیکی نسبت داده شده است. در این مقاله اشاره شده است، که در گام نخست باید به طریق مختلف دانش لازم در زمینه درک اهمیت از بین رفتن سریع تنوع ژنتیکی را برای همگان فراهم گردد. دانش کافی درباره مطالبی از قبیل اینکه تنوع ژنتیکی برای سازگاری و بقای گونه ها در محیط های در حال تغییر حیاتی است و پایش تنوع ژنتیکی می تواند اقدامات حفاظتی را مشخص کند و به حفظ پتانسیل تکاملی کمک کند. دومین گام به منظور پایش تنوع ژنتیکی داشتن شاخص های قابل اجرا در سطح جهانی عنوان شده و اشاره شده که این پیشرفت ها باید در دسترس همگان قرار گرفته و استانداردسازی و تجزیه و تحلیل داده ها باید از تلاش های پایش ژنتیکی پشتیبانی کنند. در سومین گام هدایت و پایش تنوع ژنتیکی در سطح بین المللی و افزایش ظرفیت سازی و همگام سازی رویکردهای علمی و سیاسی مورد توجه قرار گرفته است (Hoban et al., 2021).

شکل ۳. سه ستون اصلی حفاظت و نظارت بر تنوع ژنتیکی



فقدان اطلاعات ژنتیکی به ویژه با توجه به کاهش سریع جمعیت حشرات در سراسر جهان، نگران کننده است. برای غلبه به محدودیت ها در جمع آوری اطلاعات درباره تنوع ژنتیکی می توان راهکارهای زیر را دنبال کرد. تلاش در جهت توسعه و طراحی مدل های ریاضی و محاسباتی که به صراحت روابط بین محرک های محیطی و پاسخ های اکولوژیکی و تکاملی را نشان دهد. این مدل ها برای ارزیابی مستقیم و تفکیک نظریه ها برای محرک های تنوع زیستی طراحی می شوند و در نتیجه به روشن شدن تعاملات میان مکانیسم ها و محرک های اکولوژیکی و تکاملی کمک می کنند (Thorogood et al., 2020).

افزایش قدرت تفکیک مکانی و زمانی در جمع آوری نمونه های ژنتیکی، به ویژه در مناطقی که اطلاعات کافی وجود ندارد، برای ارزیابی چگونگی تأثیر بشریت بر تنوع ژنتیکی حشرات در مقیاس جهانی بسیار مهم است. این شامل جمع آوری و تجزیه و تحلیل داده های ژنتیکی از طیف وسیع تری از مکان ها و نقاط زمانی است، تا طیف کاملی از تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت حشرات را به تصویر بکشد. هدف از این کار درک تأثیر فعالیت های انسانی، مانند تخریب زیستگاه، آلودگی و تغییرات آب و هوایی، بر تنوع ژنتیکی حشرات در محیط های مختلف و در طول زمان است (Mimura et al., 2017). بررسی داده های جهانی برای درک الگوهای تنوع زیستی حشرات در مقیاس وسیع، گامی مهم در پرداختن به محدودیت های بارکدگذاری DNA است. این روش ها، در حالی که برای تعیین کمیت سریع، در مقیاس بزرگ و جهانی تنوع زیستی حشرات موثر هستند، دارای محدودیت های شناخته شده ای می باشند که باید به آن ها پرداخته شود. با ترکیب داده ها از منابع مختلف، محققان می توانند دقت شناسایی گونه ها را بهبود بخشند، به ویژه برای گونه های مرموز که ممکن است به راحتی با استفاده از DNA قابل تشخیص نباشند (da Silva, Pinho, Stur, Nihei, & Ekrem, 2023).

با تجزیه و تحلیل داده‌ها در طول زمان و در مکان‌های مختلف، محققان می‌توانند روندها و تغییرات در تنوع زیستی حشرات را شناسایی کنند که می‌تواند نشان‌دهنده اثرات فعالیت‌های انسانی و تغییرات محیطی باشد. این روش به محققان امکان می‌دهد تا تغییرات در تنوع زیستی حشرات را در مقیاس جهانی شناسایی کنند و نشان‌دهنده اثرات فعالیت‌های انسانی و تغییرات محیطی باشد. برای این منظور، محققان از داده‌های متنوعی استفاده می‌کنند که شامل اطلاعات مربوط به توزیع جغرافیایی حشرات، تغییرات در تعداد و تنوع انواع حشرات در طول زمان، و تاثیرات محیطی و انسانی بر روی تنوع زیستی حشرات است. این داده‌ها می‌توانند از منابع مختلفی مانند مطالعات زیست‌شناسی، مطالعات متابولوژیک، و داده‌های مربوط به تغییرات محیطی و فعالیت‌های انسانی جمع‌آوری شوند. با تجزیه و تحلیل این داده‌ها، محققان می‌توانند روندها و تغییرات در تنوع زیستی حشرات را شناسایی کنند. ایجاد نقشه‌های تنوع ژنتیکی جهانی برای پیش‌بینی محیط‌های زمینی در سراسر جهان و برجسته کردن مناطق با عدم قطعیت پیش‌بینی بالا شامل چندین مرحله و ملاحظات کلیدی است. هدف این فرآیند ارائه دیدگاهی جامع از الگوهای تنوع ژنتیکی در حشرات است که می‌تواند برای درک تنوع زیستی و نیازهای حفاظتی حیاتی باشد (French et al., 2023).



بررسی تنوع ژنتیکی حشرات برای درک نقش‌های اکولوژیکی، تاریخچه تکاملی و اثرات بالقوه آنها بر سلامت انسان و کشاورزی بسیار مهم است. این حوزه تحقیقاتی جنبه‌های مختلفی را در بر می‌گیرد، از جمله می‌توان مطالعه تنوع ژنتیکی درون و بین گونه‌ها، شناسایی ژن‌های مسئول صفاتی مانند مقاومت در برابر آفت‌کش‌ها یا بیماری‌ها، و بررسی چگونگی تأثیر تفاوت‌های ژنتیکی بر رفتار حشرات و سازگاری با تغییرات محیطی را نام برد. ژنتیک حشرات نیز نقش مهمی در انتقال بیماری‌ها دارد. بسیاری از حشرات ناقل بیماری‌هایی هستند که انسان‌ها و حیوانات را تحت تأثیر قرار می‌دهند. مطالعه عوامل ژنتیکی تعیین‌کننده حشرات ناقل می‌تواند به توسعه مداخلات هدفمند برای کاهش شیوع بیماری منجر شود. علاوه بر این، تنوع ژنتیکی در حشرات برای حفاظت از تنوع زیستی اساسی است. گونه‌های مختلف به عملکردهای اکوسیستم، مانند گرده افشانی و تجزیه کمک می‌کنند، و ترکیب ژنتیکی آن‌ها بر این مشارکتها تأثیر می‌گذارد. حفظ تنوع ژنتیکی، انعطاف‌پذیری اکوسیستم‌ها را در برابر چالش‌های محیطی تضمین می‌کند و از حفظ تعادل بیولوژیکی حمایت می‌کند. در نهایت، تنوع ژنتیکی حشرات پیامدهایی برای کشاورزی دارد. برخی از حشرات نسبت به آفت‌کش‌های رایج مقاومت نشان داده‌اند که کشف روش‌های جدید کنترل را ضروری می‌کند. مطالعات ژنتیکی می‌تواند مکانیسم‌های پشت مقاومت را شناسایی کرده و توسعه محصولات با ویژگی‌های مقاومتی افزایش یافته را هدایت کند. تنوع ژنتیکی حشرات فقط یک موضوع ساده یا پیچیده نیست. این یک چالش چند وجهی است که نیازمند یک رویکرد جامع برای درک کامل مفاهیم آن است.

تنوع ژنتیکی بیشتر تحت تأثیر تاریخچه زندگی ذاتی است تا وضعیت حفاظتی، که نیاز به درک عمیق‌تر آن برای پیش‌بینی آسیب‌پذیری جمعیت‌ها را برجسته می‌کند. در تجزیه و تحلیل‌های ژنومی حفاظتی باید ویژگی‌های منحصر به فرد حشرات، مانند زمان نسل کوتاه و جمعیت‌های زیاد در نظر گرفته شود. تجزیه و تحلیل تنوع کل ژنوم می‌تواند روندهای تاریخی را آشکار کرده و به شناسایی گونه‌های در معرض خطر کمک کند. مسیر رو به جلو مستلزم تلاش‌های هماهنگ دانشمندان، حافظان محیط زیست، سیاست‌گذاران و جوامع مختلف در سراسر جهان برای حفاظت از این منبع ارزشمند است. زمان آن فرا رسیده است که تمرکز خود را به سمت این جنبه حیاتی تنوع زیستی تغییر دهیم و پیامدهای عمیق آن را بر آینده سیاره خود بشناسیم

Abdolahadi, F., Mirmoayedi, A., Zaraei, L., & Jamali, S. (2022). Genetic diversity study of *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae) populations via molecular markers. *Genetika*, 54(3), 1295-1312.

Atmore, L. M., & Buss, D. L. (2023). Historical land use patterns provide insight into contemporary insect diversity loss. *Molecular Ecology*, 32(13), 3353-3355.

Baini, S., & De Biase, A. (2023). Filling knowledge gaps in insect conservation by leveraging genetic data from public archives. *Database*, 2024, baae002.

Beaurepaire, A. L., Webster, M. T., & Neumann, P. (2024). Population genetics for insect conservation and control. *Conservation Science and Practice*, e13095.

Boggs, C. L. (2024). Changes in insect population dynamics due to climate change. *Effects of Climate Change on Insects: Physiological, Evolutionary, and Ecological Responses*, 157.

Boyes, D. H., Evans, D. M., Fox, R., Parsons, M. S., & Pocock, M. J. (2021). Street lighting has detrimental impacts on local insect populations. *Science Advances*, 7(35), eabi8322.

Channuntapipat, C., Sedgley, M., & Collins, G. (2001). Sequences of the cDNAs and genomic DNAs encoding the S1, S7, S8, and Sf alleles from almond, *Prunus dulcis*. *Theoretical and Applied Genetics*, 103, 1115-1122.

Crespo-Pérez, V., Kazakou, E., Roubik, D. W., & Cárdenas, R. E. (2020). The importance of insects on land and in water: a tropical view. *Current opinion in insect science*, 40, 31-38.

Crews, T. E., Carton, W., & Olsson, L. (2018). Is the future of agriculture perennial? Imperatives and opportunities to reinvent agriculture by shifting from annual monocultures to perennial polycultures. *Global Sustainability*, 1, e11.

da Silva, F. L., Pinho, L. C., Stur, E., Nihei, S. S., & Ekrem, T. (2023). DNA barcodes provide insights into the diversity and biogeography of the non-biting midge *Polypedilum* (Diptera, Chironomidae) in South America. *Ecology and Evolution*, 13(10), e10602.

Dar, S. A., Ansari, M. J., Al Naggar, Y., Hassan, S., Nighat, S., Zehra, S. B., . . . Hussain, B. (2021). Causes and reasons of insect decline and the way forward.

Filazzola, A., Johnson, M. T., Barrett, K., Hayes, S., Shrestha, N., Timms, L., & MacIvor, J. S. (2024). The great urban shift: Climate change is predicted to drive mass species turnover in cities. *Plos one*, 19(3), e0299217.

Fox, R., Oliver, T. H., Harrower, C., Parsons, M. S., Thomas, C. D., & Roy, D. B. (2014). Long-term changes to the frequency of occurrence of British moths are consistent with opposing and synergistic effects of climate and land-use changes. *Journal of Applied Ecology*, 51(4), 949-957.

French, C. M., Bertola, L. D., Carnaval, A. C., Economo, E. P., Kass, J. M., Lohman, D. J., . . . Rominger, A. J. (2023). Global determinants of insect mitochondrial genetic diversity. *Nature Communications*, 14(1), 5276.

García-Berro, A., Talla, V., Vila, R., Wai, H. K., Shipilina, D., Chan, K. G., . . . Talavera, G. (2023). Migratory behaviour is positively associated with genetic diversity in butterflies. *Molecular Ecology*, 32(3), 560-574.

García-Robledo, C., Kuprewicz, E. K., Baer, C. S., Clifton, E., Hernández, G. G., & Wagner, D. L. (2020). The Erwin equation of biodiversity: From little steps to quantum leaps in the discovery of tropical insect diversity. *Biotropica*, 52(4), 590-597.

Gloss, A. D., Groen, S. C., & Whiteman, N. K. (2016). A genomic perspective on the generation and maintenance of genetic diversity in herbivorous insects. *Annual review of ecology, evolution, and systematics*, 47, 165-187.

Halsch, C. A., Shapiro, A. M., Fordyce, J. A., Nice, C. C., Thorne, J. H., Waetjen, D. P., & Forister, M. L. (2021). Insects and recent climate change. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2), e2002543117.

Hansen, L. S., Laursen, S. F., Bahrndorff, S., Kargo, M., Sørensen, J. G., Sahana, G., . . . Kristensen, T. N. (2024). Estimation of genetic parameters for the implementation of selective breeding in commercial insect production. *Genetics Selection Evolution*, 56(1), 21.

Hoban, S., Archer, F. I., Bertola, L. D., Bragg, J. G., Breed, M. F., Bruford, M. W., . . . Grueber, C. E. (2022). Global genetic diversity status and trends: towards a suite of Essential Biodiversity Variables (EBVs) for genetic composition. *Biological Reviews*, 97(4), 1511-1538.

Hoban, S., Bruford, M. W., Funk, W. C., Galbusera, P., Griffith, M. P., Grueber, C. E., . . . Stroil, B. K. (2021). Global commitments to conserving and monitoring genetic diversity are now necessary and feasible. *Bioscience*, 71(9), 964-976.

Hoffmann, L., Hull, K. L., Bierman, A., Badenhorst, R., Bester-Van Der Merwe, A. E., & Rhode, C. (2021). Patterns of genetic diversity and mating systems in a mass-reared black soldier fly colony. *Insects*, 12(6), 480.

- Husemann, M., Zachos, F., Paxton, R., & Habel, J. (2016). Effective population size in ecology and evolution. *Heredity*, 117(4), 191-192.
- King, K., & Lively, C. (2012). Does genetic diversity limit disease spread in natural host populations? *Heredity*, 109(4), 199-203.
- Landmann, T., Schmitt, M., Ekim, B., Villinger, J., Ashiono, F., Habel, J. C., & Tonnang, H. E. (2023). Insect diversity is a good indicator of biodiversity status in Africa. *Communications Earth & Environment*, 4(1), 234.
- Legros, M., Marshall, J. M., Macfadyen, S., Hayes, K. R., Sheppard, A., & Barrett, L. G. (2021). Gene drive strategies of pest control in agricultural systems: Challenges and opportunities. *Evolutionary applications*, 14(9), 2162-2178.
- Li, F., Zhao, X., Li, M., He, K., Huang, C., Zhou, Y., . . . Walters, J. R. (2019). Insect genomes: progress and challenges. *Insect molecular biology*, 28(6), 739-758.
- Lu, C., Chang, C.-H., Lemos, B., Zhang, Q., & MacIntosh, D. (2020). Mitochondrial dysfunction: a plausible pathway for honeybee colony collapse disorder (CCD). *Environmental Science & Technology Letters*, 7(4), 254-258.
- Mimura, M., Yahara, T., Faith, D. P., Vázquez-Domínguez, E., Colautti, R. I., Araki, H., . . . Zhou, S. (2017). Understanding and monitoring the consequences of human impacts on intraspecific variation. *Evolutionary applications*, 10(2), 121-139.
- Oliver, T., Isaac, N., August, T., Woodcock, B., Roy, D., & Bullock, J. (2015). Declining resilience of ecosystem functions under biodiversity loss. *Nat. Commun.* 6, 10122. In.
- Owens, A. C., & Lewis, S. M. (2018). The impact of artificial light at night on nocturnal insects: a review and synthesis. *Ecology and evolution*, 8(22), 11337-11358.
- Paksa, A., Azizi, K., Yousefi, S., Dabaghmanesh, S., Shahabi, S., & Sanei-Dehkordi, A. (2024). First report on the molecular phylogenetics and population genetics of *Aedes aegypti* in Iran. *Parasites & Vectors*, 17(1), 49.
- Pimm, S. L., Russell, G. J., Gittleman, J. L., & Brooks, T. M. (1995). The future of biodiversity. *Science*, 269(5222), 347-350.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J.-M., Paetkau, D., Baudouin, L., & Estoup, A. (2004). GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of heredity*, 95(6), 536-539.
- Raven, P. H., & Wagner, D. L. (2021). Agricultural intensification and climate change are rapidly decreasing insect biodiversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2), e2002548117.
- Sánchez-Bayo, F., & Wyckhuys, K. A. (2019). Worldwide decline of the entomofauna: A review of its drivers. *Biological conservation*, 232, 8-27.

Schowalter, T. D., Pandey, M., Presley, S. J., Willig, M. R., & Zimmerman, J. K. (2021). Arthropods are not declining but are responsive to disturbance in the Luquillo Experimental Forest, Puerto Rico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2), e2002556117.

Severson, D. W., & Behura, S. K. (2012). Mosquito genomics: progress and challenges. *Annual review of entomology*, 57, 143-166.

Thorogood, R., Mustonen, V., Aleixo, A., Aphalo, P. J., Asiegbu, F. O., Cabeza, M., . . . Eronen, J. T. (2020). Understanding biological resilience, from genes to ecosystems.

van Klink, R., Bowler, D. E., Gongalsky, K. B., Swengel, A. B., & Chase, J. M. (2020). Response to Comment on "Meta-analysis reveals declines in terrestrial but increases in freshwater insect abundances". *Science*, 370(6523), eabe0760.

Wagner, D. L., Grames, E. M., Forister, M. L., Berenbaum, M. R., & Stopak, D. (2021). Insect decline in the Anthropocene: Death by a thousand cuts. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2), e2023989118.

Warren, M. S., Maes, D., van Swaay, C. A., Goffart, P., Van Dyck, H., Bourn, N. A., . . . Ellis, S. (2021). The decline of butterflies in Europe: Problems, significance, and possible solutions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2), e2002551117.

Webster, M. T., Beaurepaire, A., Neumann, P., & Stolle, E. (2023). Population genomics for insect conservation. *Annual Review of Animal Biosciences*, 11, 115-140.

Welti, E. A., Roeder, K. A., De Beurs, K. M., Joern, A., & Kaspari, M. (2020). Nutrient dilution and climate cycles underlie declines in a dominant insect herbivore. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(13), 7271-7275.