

## حفاظت پویا و تلفیقی منابع ژنتیکی جنگلی در مواجهه با تغییر اقلیم

شیرین محمودی<sup>۱\*</sup>، فرزین رنجبر<sup>۲</sup>، مهدی زهراوی<sup>۳</sup>، مصطفی آقائی سربرزه<sup>۴</sup>

<sup>۱\*</sup> محقق، گروه تنوع زیستی، مرکز ملی مدیریت منابع ژنتیکی کشاورزی و منابع طبیعی، سازمان تحقیقات، آموزش و

ترویج کشاورزی، تهران، ایران      [shirinmahmoodi68@gmail.com](mailto:shirinmahmoodi68@gmail.com)

<sup>۲</sup> کارشناس، موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

<sup>۳</sup> استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

<sup>۴</sup> استاد پژوهش، بخش تحقیقات غلات، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و

ترویج کشاورزی، کرج، ایران

### چکیده

جنگل‌ها با ایفای نقش در تنظیم اقلیم، ذخیره کربن، حفاظت تنوع زیستی و تأمین معیشت انسان، از مهم‌ترین اکوسیستم‌های جهان هستند. با این حال، تخریب زیستگاه، جنگل‌زدایی و تغییرات اقلیمی بقای آنها را تهدید می‌کند. شناسایی هات‌اسپات‌های تنوع زیستی جنگلی اهمیت ویژه دارد؛ زیرا این مناطق غنی‌ترین ذخایر ژنتیکی را دارا هستند. دو رویکرد اصلی حفاظت عبارت‌اند از: In-situ (در رویشگاه اصلی) و Ex-situ (خارج از رویشگاه اصلی). هرکدام محدودیت‌هایی دارند، اما ترکیب آنها و به‌کارگیری رویکرد پویا و تطبیقی می‌تواند کارایی حفاظت را در عصر تغییرات سریع اقلیمی افزایش دهد. براساس یافته‌های علمی، این مقاله چارچوبی تلفیقی برای حفاظت پویا پیشنهاد می‌کند که شامل پایش ژنومی - اکولوژیکی، شبکه‌سازی ذخایر Ex-situ و استقرار مجدد هدفمند ژنوتیپ‌های مقاوم است.

**واژگان کلیدی:** حفاظت پویا، حفاظت در خارج از رویشگاه اصلی، حفاظت در رویشگاه اصلی، منابع ژنتیکی جنگلی، هات‌اسپات.

## بیان مسئله

طبق گزارش IPCC AR6 WGII (۲۰۲۲)، دمای جهانی تاکنون حدود ۱/۱ درجه سانتی‌گراد افزایش یافته و در مسیر سناریوی SSP5-8.5 (سناریوهای مسیرهای مشترک اجتماعی-اقتصادی که چشم‌اندازهای مختلف توسعه جهانی همراه با تغییرات محیطی و انتشار گازهای گلخانه‌ای را تا پایان قرن توصیف می‌کنند) ممکن است تا پایان قرن به بیش از ۳ درجه سانتی‌گراد برسد. این تغییر موجب بروز تنش گرمایی-آبی در جنگل‌های معتدله شده است؛ پدیده‌ای که با کاهش رشد درختان و افزایش تلفات خشکسالی همراه است. در صورت فقدان مدیریت تطبیقی، تنوع ژنتیکی بسیاری از گونه‌های جنگلی کاهش یافته و کارکردهای بوم‌شناختی مختل می‌شود (Hoban et al., 2020).

منابع ژنتیکی جنگلی<sup>۱</sup> شامل تنوع درون‌گونه‌ای و بین‌گونه‌ای درختان هستند که زیربنای تاب‌آوری اکوسیستم‌ها در برابر تغییرات محیطی محسوب می‌شوند. این منابع با ذخایر آلی متنوع، امکان سازگاری سریع را از طریق انتخاب طبیعی فراهم می‌کنند (Hoban et al., 2023). پژوهش‌های ژنومیک نشان داده‌اند که شبکه‌های ژن-محیط نقش حیاتی در تنظیم کارکردهای اکوسیستمی نظیر چرخه کربن و احیای زیستگاه‌های تخریب‌شده ایفا می‌کنند (Thomas et al., 2014).

با وجود اهمیت منابع ژنتیکی جنگلی FGR، شواهد نشان می‌دهد که بسیاری از ذخایر ژنتیکی در معرض انقراض عملکردی قرار دارند (انقراض عملکردی وضعیتی است که در آن جمعیتی از گونه‌ها با وجود وجود فیزیکی، دیگر توانایی پایداری ژنتیکی و نقش اکولوژیکی موثر خود در بوم‌سازگان را ندارند و بنابراین نقش کلیدی خود در عملکردهای اکوسیستم را از دست می‌دهند). به عبارتی، گونه به لحاظ زیستی هنوز زنده است، اما از نظر عملکرد در اکوسیستم نقش خود را به‌طور اساسی از دست داده است؛ وضعیتی که در آن جمعیت‌ها علی‌رغم بقای فیزیکی، توان ژنتیکی برای سازگاری را از دست می‌دهند. انتظار می‌رود محدوده زیست‌اقليمی گونه‌ها با سرعتی معادل ۱۰۰ تا ۵۰۰ متر در دهه به سمت ارتفاعات بالاتر یا عرض‌های شمالی‌تر جابجا شوند. هیبریدیزاسیون ناشی از تغییر اقلیم می‌تواند ساختار ژنتیکی جمعیت‌های بومی را تغییر دهد و بقای صفات سازگار محلی را تهدید کند (Aitken & Whitlock, 2013).

عامل دیگری که خطر را تشدید می‌کند، جدایی زیستگاهی است. گزارش‌های Global Forest Watch نشان می‌دهد که بخش بزرگی از جنگل‌های اولیه جهان قطعه‌قطعه شده‌اند که جریان ژنی را محدود کرده و خطر همخونی را افزایش می‌دهد (Laurance et al., 2018). در جنگل‌های هیرکانی نیز کاهش کریدورهای ژنتیکی گزارش شده است (Sagheb-Talebi et al., 2014). هم‌افزایی تغییر اقلیم و جدایی زیستگاهی، خطر انقراض عملکردی را در هات‌اسپات‌های ژنتیکی افزایش می‌دهد (IPBES, 2019).

با توجه به سرعت و شدت بالای تغییرات اقلیمی که زیستگاه‌ها و جمعیت‌های جنگلی را تحت تأثیر قرار داده‌اند، رویکردهای حفاظتی سنتی که عمدتاً ایستا و محدود به حفظ شرایط موجود هستند، دیگر پاسخگوی نیازهای حفاظت منابع ژنتیکی نیستند. شرایط پویای تغییرات محیطی و فشارهای متنوع اکولوژیکی و انسانی ایجاب می‌کند که پارادایم حفاظت به سمت رویکردهای پویا و تطبیقی تغییر یابد.

حفاظت پویا با تأکید بر پایش مستمر، مدیریت تلفیقی در رویشگاه و خارج از رویشگاه، و استفاده از فناوری‌های نوین، فرصت بهبود مقاومت و سازگاری اکوسیستم‌ها در برابر تهدیدهای آینده را فراهم می‌آورد.

<sup>۱</sup> Forest Genetic Resource (FGR)

## دستاوردها

حفاظت از منابع ژنتیکی جنگلی به عنوان زیربنای پایداری اکوسیستم‌ها و انعطاف‌پذیری در برابر تغییرات محیطی، مستلزم به‌کارگیری راهبردهای جامع است. این راهبردها در سه محور اصلی حفاظت *In-situ*، حفاظت *Ex-situ* و راهبردهای تلفیقی مورد تأکید قرار گرفته‌اند.

حفاظت *In-situ* با حفظ جمعیت‌های درختان در زیستگاه‌های طبیعی، تنوع ژنتیکی ذاتی و سازگاری‌های تکاملی را در برابر فشارهای محیطی (مانند تغییر اقلیم) پشتیبانی می‌کند. به دلیل سرعت بالای تغییرات اقلیمی، حفاظت *In-situ* با محدودیت‌های جدی مواجه است (شکل ۱). مطالعات نشان می‌دهند که نرخ جابجایی زیست‌اقلیمی در برخی مناطق تا حدود ۲/۴ کیلومتر در سال است، در حالی که توان مهاجرت طبیعی گونه‌های جنگلی معمولاً کمتر از ۰/۵ کیلومتر در سال می‌باشد. این تفاوت موجب بروز ناهمخوانی ژنوتیپ-محیط<sup>۱</sup> در بسیاری از جمعیت‌ها شده است (Aitken & Whitlock, 2013).



شکل ۱- باغ گیاه‌شناسی ملی ایران موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور،

نمونه‌ای از روش حفاظت در خارج از زیستگاه اصلی *Ex-situ*

روش‌های *Ex-situ* با تمرکز بر ذخیره‌سازی منابع ژنتیکی خارج از زیستگاه طبیعی، به‌ویژه برای گونه‌های در معرض انقراض یا جنگل‌های با نرخ تخریب بالا، حیاتی هستند (شکل ۲ و ۳). اما، حفاظت *Ex-situ* نیز با چالش‌هایی مواجه است؛ به‌عنوان مثال، بانک‌های بذر اغلب تنها بخشی از تنوع ژنتیکی جمعیت‌های مادر را حفظ می‌کنند. همچنین، نهال‌های احیاء شده در محیط‌های کنترل‌شده ممکن است به دلیل رانش ژنتیکی و نبود فشارهای انتخاب طبیعی، کاهش تنوع ژنتیکی و تثبیت آلل‌های زیان‌آور را تجربه کنند. مطالعات ژنومیک در جنگل‌های معتدل نیز نشان داده‌اند که عدم حضور فشارهای انتخاب طبیعی، می‌تواند منجر به تثبیت آلل‌های مضر و کاهش ظرفیت سازگاری جمعیت‌های *Ex-situ* شود.

<sup>۱</sup> Genotype-Environment Mismatch



شکل ۲- بانک ژن منابع طبیعی موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور،  
نمونه‌ای از روش حفاظت در خارج از زیستگاه اصلی Ex-sit



شکل ۳- ایستگاه تحقیقاتی میانجنگل استان فارس، نمونه‌ای از روش حفاظت در زیستگاه اصلی

ترکیب راهبردهای *In-situ* و *Ex-situ* (راهبرد تلفیقی) به عنوان چارچوبی انعطاف پذیر برای حفاظت پایدار منابع ژنتیکی جنگلی شناخته می شود. پروژه هایی مانند حفاظت از گونه ملج (*Ulmus glabra*) در اروپا نشان داد که ذخایر *Ex-situ* (کشت در خزانه های باغ های گیاه شناسی) می تواند به عنوان پشتیبان ژنتیکی برای جمعیت های طبیعی آسیب دیده در اثر بیماری عمل کند.

مدل های شبیه سازی کامپیوتری مانند نرم افزار MetaPOP ثابت کردند که انتقال کنترل شده مواد ژنتیکی از بانک های بذر به جمعیت های *In-situ* (با پایش دقیق جریان ژنی)، می تواند هتروزیگوسیتی را تا ۴۰ درصد افزایش دهد (Hoban et al., 2020). با این وجود، موفقیت این رویکرد مستلزم تدوین پروتکل های استاندارد برای مدیریت یکپارچه داده های ژنومی، اکولوژیکی و اقلیمی در قالب پلتفرم های حفاظت دیجیتال است.

اجرای موفق رویکردهای تلفیقی با چالش هایی چون کمبود منابع مالی، مشارکت محدود جوامع محلی و نبود چارچوب های قانونی کارآمد روبه رو است (IPBES, 2019). از این رو، طراحی چارچوب یکپارچه پویا برای مدیریت هتاسپات های جنگلی ضروری است. براساس یافته های علمی چارچوبی تلفیقی با سه رکن کلیدی پیشنهاد می کند:

۱. پایش ژنومی و اکولوژیکی با استفاده از فناوری های DNA محیطی و داده های سنجش از دور برای ارزیابی تغییرات ژنتیکی در مقیاس بزرگ

۲. شبکه سازی ذخایر ژنتیکی خارج از ریشگاه اصلی با توجه به پراکنش آلل های سازگار با سناریوهای اقلیمی آینده (SSP)

۳. بازاستقرار هدفمند ژنوتیپ های سازگار به کریدورهای اکولوژیکی تخریب شده، به منظور افزایش شانس بقا و احیاء تنوع ژنتیکی

این چارچوب با ترکیب داده های ژنومیک، ابزارهای مدیریتی و فناوری های نوین، می تواند بخشی از محدودیت های رویکردهای فعلی را برطرف کرده و بنیانی برای حفاظت پویا و بلندمدت منابع ژنتیکی جنگلی فراهم آورد.

### مکانیسم های حفاظت پویا

حفاظت پویا سه رویکرد کلیدی را برای افزایش ظرفیت سازگاری اکوسیستم های جنگلی پیشنهاد می کند:

۱. طراحی شبکه های حفاظتی منعطف: ادغام داده های ژنومیک سیمای سرزمین با سناریوهای تغییر اقلیم مانند CMIP6 می تواند به شناسایی پناهگاه های تکاملی (مناطق هستند که به دلیل شرایط اقلیمی و محیطی نسبتاً پایدار در دوره های تغییرات شدید اقلیمی، تنوع ژنتیکی و جمعیت گونه ها را حفظ کرده و محلی برای ادامه بقا و تکامل آنها بوده اند) کمک کند که نقش هسته های مقاوم در برابر تغییرات سریع اقلیمی را ایفاء می کنند (Razgour et al., 2019).

۲. مدیریت فعال جریان ژن کمکی: جابجایی کنترل شده ژرم پلاسماهای مقاوم از جمعیت های گرمزی به مناطق حاشیه ای سردتر، یکی از استراتژی های کلیدی سازگاری است. برای نمونه، آزمایش های واقعی روی گونه های درختی مانند *Pinus contorta* و *Eucalyptus spp.* نشان داد که ترکیب بذر از جمعیت های مختلف می تواند بقای نهال ها را در مناطق تحت تنش حرارتی افزایش دهد (Aitken & Whitlock, 2013). به طور مشابه، در جنگل های بلوط زاگرس، پژوهش ها نشان داده اند که برخی ژنوتیپ های بلوط ایرانی (*Quercus brantii*) دارای مقاومت بالایی نسبت به تنش خشکی هستند. این ژنوتیپ ها از مناطق جنوبی تر زاگرس شناسایی شده اند و می توان از آنها برای بهبود سازگاری جمعیت های شمالی که با کم آبی و خشکی بیشتر مواجهند، بهره برد. ایجاد باغ های بذر با استفاده از این ژنوتیپ های مقاوم، امکان تولید نهال های مقاوم را فراهم می کند و به احیای جنگل های تخریب شده زاگرس کمک می نماید.

۳. حفظ فرآیندهای اکولوژیکی - تکاملی: حفظ اختلالات طبیعی مانند آتش‌سوزی‌های کنترل‌شده، که عامل انتخاب طبیعی در بسیاری از جنگل‌های مخروطی‌اند، نقشی اساسی در حفظ سازگاری دارند. برای مثال، در جنگل‌های کاج زرد (*Pinus ponderosa*)، رژیم‌های آتش‌سوزی طبیعی با شدت کم به حفظ تنوع ژنتیکی در صفات مربوط به ضخامت پوست و جوانه‌زنی پس از آتش کمک می‌کنند (North et al., 2015).

### چالش‌های پیاده‌سازی حفاظت پویا

چالش‌های حفاظت پویا منابع ژنتیکی جنگلی را می‌توان در سه دسته اصلی تقسیم‌بندی کرد:

۱. چالش‌های فنی و علمی:
  - کمبود زیرساخت‌های لازم برای پایش بلندمدت و گسترده تنوع ژنتیکی با استفاده از فناوری‌های نوین مانند DNA محیطی (eDNA) و سنجش‌ازدور
  - پیچیدگی در ادغام داده‌های ژنومی، اکولوژیکی و اقلیمی برای مدل‌سازی و مدیریت بهینه
  - نیاز به توسعه الگوریتم‌ها و مدل‌های هوشمند برای تحلیل داده‌ها و پیش‌بینی روندهای تغییرات ژنتیکی
۲. چالش‌های حقوقی و سیاستی:
  - نبود چارچوب‌های قانونی جامع و انعطاف‌پذیر که امکان مدیریت تطبیقی منابع ژنتیکی و انتقال هدفمند ژرم‌پلاسم را فراهم کند.
  - محدودیت در قوانین کنترل و نظارت بر جمع‌آوری و خروج ژرم‌پلاسم و مسائل مرتبط با مالکیت فکری و پتنت‌ها
  - ناکافی بودن سیاست‌های حمایتی و تخصیص منابع مالی برای برنامه‌های حفاظتی ژنتیکی
۳. چالش‌های اجتماعی و اقتصادی:
  - مشارکت محدود و ضعف آگاهی جوامع محلی نسبت به اهمیت حفاظت منابع ژنتیکی و فناوری‌های نوین
  - کمبود آموزش، ظرفیت‌سازی و شفافیت در ارتباط با نگرانی‌های انتقال ژنتیکی (آلودگی ژنتیکی) و پیامدهای آن
  - فشارهای اقتصادی و بهره‌برداری غیرمستمر از منابع طبیعی که منجر به تخریب زیستگاه‌ها و کاهش تنوع ژنتیکی می‌شوند.

### نقش‌های اسپات‌های ژنتیکی در حفاظت پویای منابع ژنتیکی جنگلی

مفهوم هات‌اسپات‌های تنوع زیستی نخستین بار توسط Myers و همکاران (۲۰۰۰) با تأکید بر مناطقی با غنای استثنایی گونه‌ای معرفی شد و در دهه‌های اخیر به سطح ژنتیکی بسط یافته است. این مناطق، مخازن اصلی تنوع آلی برای سازگاری با تغییر اقلیم محسوب می‌شوند (Hoban et al., 2020). طبق گزارش FAO (۲۰۲۰)، حدود ۷۵ درصد تنوع ژنتیکی درختان جنگلی در جمعیت‌های طبیعی و خارج از مناطق حفاظت‌شده رسمی قرار دارد. در سطح جهانی، جنگل‌های بارانی آمازون، جنگل‌های مرکزی آفریقا، جنوب شرق آسیا و جنگل‌های هیرکانی ایران از مهم‌ترین هات‌اسپات‌ها هستند که به دلیل تنوع بالای گونه‌ای و تهدید تخریب شدید، نیازمند راهبردهای حفاظتی ویژه هستند.

هات‌اسپات‌ها معمولاً از طریق تلفیق تحلیل‌های ژنومیک سیمای سرزمین و مدل‌سازی آشیان اکولوژیک شناسایی می‌شوند. معیارهای ترکیبی برای تعیین این نقاط شامل تراکم آلی بالا، حضور آل‌های نادر سازگار با تنش‌های محیطی مانند خشکی و شوری، و پایداری جمعیت‌های پایه‌ای در زیستگاه‌های بازمانده از عصر یخبندان هستند. فناوری‌های نوین مانند پایش مبتنی بر eDNA، امکان ردیابی بلادرنگ تغییرات ساختار ژنتیکی این نقاط را فراهم کرده است؛ برای مثال در اکوسیستم‌های جنگلی

جنوب شرق آسیا، با استفاده از داده‌های eDNA، کاهش تنوع آلی در هات‌اسپات‌های مجاور مناطق کشاورزی تنها ظرف ۱۸ ماه پس از بهره‌برداری شناسایی شد (Taberlet et al., 2018).

با وجود پیشرفت‌های اخیر در ژنتیک جنگل، یکی از چالش‌های اساسی در مدیریت پایدار منابع ژنتیکی، تلفیق داده‌های ژنومی با شاخص‌های اکوفیزیولوژیک گیاهان از جمله کارایی مصرف آب و الگوهای تعرق در چارچوب مدل‌های پویای تخصیص منابع باقی مانده است. این یکپارچه‌سازی، زمینه لازم را برای درک بهتر سازوکارهای سازگاری گونه‌های جنگلی در برابر تغییرات اقلیمی فراهم می‌کند. در این میان، رویکردهای ژنتیک سیمای سرزمین با تمرکز بر شناسایی هات‌اسپات‌های سازشی، به‌عنوان ابزاری کارآمد برای هدایت برنامه‌های حفاظتی مطرح شده‌اند. این رویکردها با مبنا قرار دادن مناطق کلیدی تنوع و سازگاری ژنتیکی، طراحی کردورهای ژنتیکی را تسهیل می‌کنند؛ کردورهایی که از طریق افزایش پیوستگی پوشش‌های جنگلی و زیستگاه‌های دومینه، جریان ژنی میان جمعیت‌های پراکنده و منزوی را تقویت می‌کنند (McRae et al., 2008).

پایش ژنومیک نوین در هات‌اسپات‌های تنوع زیستی با بهره‌گیری از DNA محیطی استخراج‌شده از نمونه‌های خاک، آب و حتی هوا، در کنار داده‌های حاصل از تصویربرداری طیفی سنجش از دور، افق‌های تازه‌ای را در حفاظت پیشگیرانه گشوده است (Taberlet et al., 2018). ادغام این دو فناوری امکان شناسایی الگوهای پیچیده تعامل ژن و محیط را در مقیاس سیمای سرزمین فراهم کرده و ظرفیت واکنش مدیریتی به‌موقع در برابر تهدیدات ژنتیکی را افزایش می‌دهد. شواهد نشان می‌دهد که این رویکردها در مقایسه با روش‌های سنتی پایش میدانی، می‌توانند هزینه‌ها و زمان پایش را به‌طور قابل توجهی کاهش داده و داده‌های لازم برای مدل‌سازی تغییرات ژنتیکی تحت سناریوهای اقلیمی آینده، از جمله RCPها را فراهم کنند (Bálint et al., 2018). توسعه و به‌کارگیری این چارچوب‌ها در اکوسیستم‌های جنگلی، نقش کلیدی در حفظ ذخایر ژنتیکی و طراحی کردورهای حفاظتی هدفمند در قرن ۲۱ ایفاء خواهد کرد.

شبکه‌سازی ذخایر Ex-situ امروزه نیازمند ادغام داده‌های آلی سازگار با پروژه‌های اقلیمی SSP (سناریوهای سهم‌گذاری اجتماعی - اقتصادی) است تا تاب‌آوری ژنتیکی گونه‌های گیاهی در برابر تغییرات آب‌وهوایی آینده تضمین شود. در این رویکرد، آل‌های کلیدی مرتبط با تحمل خشکی، شوری یا دمای بالا، مانند ژن‌های *HSP101* و *NHX1* شناسایی شده و پراکنش جغرافیایی آنها تحت سناریوهای مختلف اقلیمی مانند SSP2-4.5 و SSP5-8.5 مدل‌سازی می‌شود. این داده‌ها امکان بهینه‌سازی ذخیره‌سازی نمونه‌ها در بانک‌های بذر را فراهم می‌آورد. همچنین، ادغام داده‌های ژنومی با پلتفرم‌هایی مانند ENSCONET و DivSeek، امکان تبادل نمونه‌ها بین ذخایر مختلف را بر اساس شکاف‌های آلی شناسایی‌شده توسط الگوریتم‌های یادگیری ماشین مانند Gradient Boosting فراهم می‌سازد (Hoban et al., 2023).

گام تکمیلی در شبکه‌های حفاظتی، انتقال هدفمند ژنوتیپ‌های سازگار و مقاوم به خشکی یا بیماری از طریق ادغام حفاظت In-situ و Ex-situ است. به‌ویژه در گونه‌های درختی مانند بلوط و کاج، انتقال ژنوتیپ‌های پیش‌سازگار به زیستگاه‌های آسیب‌دیده و پایش تثبیت آل‌های کلیدی با فناوری‌های eDNA و سنجش‌از‌دور، امکان بازسازی کارآمد ساختار ژنتیکی را فراهم می‌کند (Hoban et al., 2020).

فناوری‌های نوین، به ویژه هوش مصنوعی و یادگیری ماشین، ابزارهای قدرتمندی در تحلیل و پیش‌بینی تغییرات ژنتیکی منابع جنگلی به‌شمار می‌آیند. این فناوری‌ها قادرند حجم عظیمی از داده‌های ژنومیک و محیطی را پردازش کنند و الگوهای پیچیده‌ای که به روش‌های سنتی قابل تشخیص نیستند را شناسایی نمایند. به‌عنوان مثال، روش‌های یادگیری ماشین مانند شبکه‌های عصبی عمیق و الگوریتم‌های تقویت گرادیان به شناسایی نشانگرهای ژنتیکی مرتبط با سازگاری گونه‌ها نسبت به تنش‌های اقلیمی کمک می‌کنند.

این پیشرفت‌ها به محققان امکان می‌دهد تا تغییرات ژنتیکی تحت سناریوهای مختلف اقلیمی را پیش‌بینی کرده و راهبردهای حفاظتی مبتنی بر داده‌های ژنومی بهینه‌تری طراحی کنند. پایش هوشمند منابع ژنتیکی جنگلی نیز با استفاده از فناوری‌های مبتنی بر اینترنت اشیا و اپلیکیشن‌های موبایلی، به سطح جدیدی ارتقاء یافته است. این ابزارها امکان جمع‌آوری داده‌های بلادرنگ از محیط‌های طبیعی و تحلیل فوری آنها را فراهم می‌کنند که می‌تواند در تشخیص زودهنگام تهدیدهای زیستی و ژنتیکی نقش موثری داشته باشد (Hoban *et al.*, 2023).

### توصیه ترویجی

بر اساس مرور ادبیات و یافته‌های علمی اخیر، حفاظت از منابع ژنتیکی جنگلی در عصر تغییرات اقلیمی شدید و تهدیدات متعدد، نیازمند رویکردی پویا و تلفیقی است. شناسایی دقیق هتاسپات‌های ژنتیکی با بهره‌گیری از فناوری‌های ژنومیک و سنجش‌ازدور، مبنای سیاست‌گذاری حفاظتی را فراهم می‌کند. ادغام راهبردهای حفاظتی در رویشگاه اصلی و خارج از رویشگاه، همراه با طراحی شبکه‌های حفاظتی منعطف و پایش زمان‌واقعی، از کلیدهای اصلی حفظ تنوع ژنتیکی تحت تأثیر تغییر اقلیم است. مشارکت فعال جوامع محلی و اصلاح چارچوب‌های حقوقی نیز از عوامل حیاتی برای تحقق این سیاست‌ها به‌شمار می‌آیند. با وجود محدودیت‌هایی چون کمبود زیرساخت‌های پایش ژنومیک و چالش‌های مشارکت مردمی، رویکردهای تلفیقی قابلیت افزایش تاب‌آوری اکوسیستم‌های جنگلی و حفظ سرمایه ژنتیکی نسل‌های آینده را دارا هستند. این وضعیت نیازمند بازطراحی کردورهای ژنتیکی و پناهگاه‌های اقلیمی است. پیشنهادهای سیاستی و اجرایی:

۱. بازنگری چارچوب‌های قانونی برای مدیریت تطبیقی و انتقال هدفمند ژرم‌پلاسم جهت سازگاری با تغییرات اقلیمی
۲. به‌روزرسانی شبکه‌های بانک ژن و ذخایر Ex-situ بر اساس داده‌های جدید ژنومیک و اقلیمی
۳. استفاده گسترده از فناوری‌های نوین مانند DNA محیطی (eDNA) و سنجش‌ازدور برای پایش مستمر تنوع ژنتیکی
۴. سرمایه‌گذاری در ظرفیت‌سازی و توانمندسازی جوامع محلی به‌منظور ارتقای مشارکت در برنامه‌های حفاظتی
۵. ادغام فناوری‌های هوشمند و یادگیری ماشین برای تحلیل داده‌های ژنومیک و پیش‌بینی تغییرات ژنتیکی تحت سناریوهای اقلیمی
۶. توسعه کردورهای ژنتیکی سازشی به‌عنوان راهکاری برای حفظ جریان ژن و کاهش تأثیر جدایی زیستگاهی

### فهرست منابع

- Aitken, S.N. and Whitlock, M.C. 2013. Assisted gene flow to facilitate local adaptation to climate change. *Annual review of ecology, evolution, and systematics*, 44 (1): 367-388.
- Bálint, M., Pfenninger, M., Grossart, H.P., Taberlet, P., Vellend, M., Leibold, M.A., ... and Bowler, D. 2018. Environmental DNA time series in ecology. *Trends in Ecology & Evolution*, 33 (12): 945-957.
- Hoban, S., Bruford, M., Jackson, J.D.U., Lopes-Fernandes, M., Heuertz, M., Hohenlohe, P.A., ... and Laikre, L. 2020. Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved. *Biological Conservation*, 248, 108654.
- Hoban, S., Bruford, M.W., da Silva, J.M., Funk, W.C., Frankham, R., Gill, M.J., ... and Laikre, L. 2023. Genetic diversity goals and targets have improved, but remain insufficient for clear implementation of the post-2020 global biodiversity framework. *Conservation genetics*, 24 (2): 181-191.
- IPBES. 2019. Nature's Dangerous Decline 'Unprecedented'; Species Extinction Rates 'Accelerating'. Media Release, 6, May. <https://ipbes.net/global-assessment>.

- Laurance, W.F., Camargo, J.L., Fearnside, P.M., Lovejoy, T.E., Williamson, G.B., Mesquita, R.C., ... and Laurance, S.G. 2018. An Amazonian Rainforest and its Fragments as a Laboratory of Global change. *Biological reviews*, 93 (1): 223-247.
- McRae, B.H., Dickson, B.G., Keitt, T.H. and Shah, V.B. 2008. Using circuit theory to model connectivity in ecology, evolution and conservation. *Ecology*, 89 (10): 2712-2724.
- North, M., Stephens, S.L., Collins, B.M. and Agee, J.K. 2015. Environmental science. Reform forest fire management. *Science*, 349 (6254): 1280-1.
- Razgour, O., Forester, B., Taggart, J.B., Bekaert, M., Juste, J., Ibanez, C., Puechmaille, S.J., Novella-Fernandez, R., Alberdi, A. and Manel, S. 2019. Considering adaptive genetic variation in climate change vulnerability assessment reduces species range loss projections. *PNAS*. 116 (21):10418–10423.
- Sagheb Talebi, Kh., Sajedi, T. and Pourhashemi, M. 2014. *Forests of Iran: A Treasure from the Past, A Hope for the Future*. Springer, New York, 152p.
- Taberlet, P., Bonin, A., Zinger, L. and Coissac, E. 2018. *Environmental DNA: for biodiversity research and monitoring*. Oxford University press.
- Thomas, E., Jalonen, R., Loo, J., Boshier, D., Gallo, L., Cavers, S., ... and Bozzano, M. 2014. Genetic considerations in ecosystem restoration using native tree species. *Forest Ecology and Management*, 333, 66-75.