

Drzewa leśne są ważnym elementem ekosystemów leśnych wpływając na ich różnorodność biologiczną. Pojawiają się jednak obawy, że przewidywane globalne zmiany klimatyczne i zmiany w użytkowaniu gruntów w Europie będą miały negatywny wpływ na niektóre gatunki drzew, powodując w ciągu kilku dziesięcioleci zmiany ich dotychczasowych zasięgów, zmiany funkcjonowania ekosystemów oraz modyfikacje interakcji między gatunkami. Trudności w przewidywaniu reakcji drzew leśnych na zmiany klimatyczne spowodowały wzrost zainteresowania badaniami mającymi na celu poznanie podstaw genetycznych procesów adaptacyjnych u drzew leśnych. Zrozumienie zależności pomiędzy zmiennością genomową i adaptacyjną wydaje się szczególnie ważne w przypadku kluczowych gatunków drzew leśnych, ponieważ taka wiedza może być wykorzystana w celu zarządzania leśnymi zasobami genowymi w obliczu globalnych zmian klimatycznych. Tym niemniej, pomimo znacznych wysiłków naukowców, w przypadku drzew leśnych nadal brakuje przekonujących przykładów związków między różnorodnością cech ilościowych i adaptacyjnych, a zmiennością molekularną na poziomie genomu.

Dąb szypułkowy (*Quercus robur* L.) i bezszypułkowy (*Q. petraea* (Matt.) Liebl.) należą do najważniejszych gatunków drzew leśnych w Europie Środkowej i wydają się być doskonałymi gatunkami modelowymi do badania procesów lokalnej adaptacji. Dęby często były obiektem badań genetyki i genomiki. Opracowano dla nich genomy referencyjne. W Polsce dęby zajmują ponad 8% (742 836 ha) całkowitej powierzchni leśnej, a co roku znaczne ilości sadzonek przeznacza się do ponownego zalesiania (w 2023 r.: 133 mln sadzonek *Q. robur*, 38 mln sadzonek *Q. petraea*). Istnieją jednak obawy, że globalne zmiany klimatyczne będą miały negatywny wpływ na drzewostany dębowe. Dlatego niezbędny jest wnikliwy przegląd zasad dotyczących wykorzystania nasion do zalesienia, biorąc pod uwagę możliwe zmiany klimatyczne.

Głównym celem proponowanych badań jest opracowanie, na podstawie analiz genomowych, spójnej geograficznie strategii ochrony i zarządzania leśnymi zasobami genowymi rodzimych dębów. Zamierzamy zidentyfikować obszary leśne wyróżniające się genetycznie i ewolucyjnie, oraz wskazać regiony geograficzne o największej lub lokalnie specyficznej różnorodności genetycznej. Zbadane będą relacje między różnorodnością genomową a zmiennymi środowiskowymi, a następnie informacje te posłużą do zrozumienia mechanizmów leżących u podstaw istnienia przestrzennych wzorców różnorodności genomowej związanych z adaptacją. Aby zapewnić osiągnięcie tych celów, wprowadzimy dwie innowacje.

Pierwszą innowacją będzie skonstruowanie pangenomów gatunków *Q. robur* i *Q. petraea*, które posłużą jako zaawansowane referencje do oceny różnorodności genomowej w obrębie każdego gatunku. Jednakże przez „różnorodność genomową” rozumiemy różnorodność ocenianą za pomocą wszystkich typów polimorfizmów dostępnych dla całego genomu, takich jak SNP (polimorfizm pojedynczego nukleotydu), InDels (polimorfizm insercji/delecji) i warianty strukturalne (SV), w tym CNV (zmienność liczby kopii), PAV (obecność/brak fragmentów genomu), inne SV (np. inwersje, translokacje, duplikacje segmentowe).

Drugą innowacją będzie zastosowanie metody pobierania próbek indywidualnych (IBS) (jako alternatywy do pobierania próbek populacyjnych) w połączeniu z opracowaniem/aktualizacją odpowiednich metod statystycznych do oceny przestrzennych wzorców różnorodności genomowej. Indywidualne pobieranie próbek jest obiecującym podejściem, szczególnie w przypadku działań związanych z ochroną i zarządzaniem przestrzennym. IBS daje lepszą możliwość projektowania zbioru próbek ze zwiększoną rozdzielczością przestrzenną i pokryciem szerokiego spektrum zmiennych środowiskowych, a także minimalizuje błąd, który może zostać wprowadzony przez określone (odstające) populacje.

Te dwie innowacje umożliwią nam dokładne zbadanie zmienności całego genomu 300 osobników dębu szypułkowego oraz 300 osobników dębu bezszypułkowego i odkrycie mechanizmów leżących u podstaw przestrzennego rozkładu różnorodności genomowej. Zweryfikowanych zostanie kilka istotnych hipotez badawczych dotyczących organizacji genomów, asocjacji pomiędzy genomem a zmiennymi klimatycznymi, filogeografii oraz stopnia dywergencji i hybrydyzacji między gatunkami dębów. Mając tę wiedzę, dokonamy krytycznego przeglądu i zaktualizujemy istniejące wytyczne dotyczące zarządzania leśnymi zasobami genowymi, szczególnie w odniesieniu do wyznaczania stref nasiennych i transferu leśnego materiału rozmnożeniowego. Wyniki badań będą miały istotne znaczenie dla rozwoju genomiki drzew leśnych.