

## Streszczenie

Ekosystemy leśne zajmują około jednej trzeciej powierzchni Ziemi, a ich przyszłość stanowi kluczowy czynnik wpływający na zmiany klimatu. Leśne zasoby genowe warunkują zdolność populacji do adaptacji, umożliwiając istnienie genotypów wspierających różnorodne funkcje ekosystemów leśnych. Różnice genetyczne stanowią podstawę decyzji dotyczących m.in. wspomaganej migracji, introdukcji nowych proveniencji czy promowania naturalnego odnowienia. Buk zwyczajny (*Fagus sylvatica*) jest szeroko rozpowszechnionym gatunkiem drzewa leśnego, będącym cennym źródłem drewna w Europie i zachodniej Azji. Rośnie często w drzewostanach jednogatunkowych, ale również jako istotny komponent złożonych ekosystemów leśnych. Charakteryzuje się stosunkowo wysoką różnorodnością genetyczną zarówno wewnątrz, jak i między populacjami. Gatunek ten cechuje również duża plastycznością - poszczególne osobniki wykazują znaczną zmienność fenotypową w zakresie wzrostu i przeżywalności w kontekście globalnych zmian klimatycznych. Nawet sąsiadujące drzewa mogą znacząco różnić się pod względem reakcji na ekstremalne susze i terminu fenologii wiosennej. ***Zmienność ta częściowo wynika z plastyczności fenotypowej związanej z konkurencją i różnicami mikrośrodowiska, ale prawdopodobnie ma także podłoże genetyczne, co zapewnia lasom bukowym potencjał adaptacyjny. Analiza tych zjawisk wymaga podejścia indywidualnego, koncentrującego się na poszczególnych osobnikach: dlaczego osobniki różnią się w reakcjach na środowisko i które cechy fenotypowe mają charakter dziedziczny?*** W przypadku gatunków drzew leśnych, takich jak *F. sylvatica*, odpowiedź na to pytania wymaga szczegółowych danych ekologicznych i genomowych. Choć genom buka jest stosunkowo niewielki (ok. 1 Gbp w układzie diploidalnym) i opracowano już wysokiej jakości genom referencyjny, wciąż brakuje dobrze udokumentowanej bazy danych asocjacji genomowych. Nie opracowano także pangenu buka prezentującego pełną różnorodność genetyczną gatunku. *F. sylvatica* ma krzyżowy systemem kojarzenia i długi czas pokolenia sięgający kilku dekad, dlatego też nie jest postrzegany jako organizm modelowy w badaniach genetycznych i genomowych. Ze względu na wysokie koszty pełnogenomowego sekwencjonowania, dotychczasowe zbiory danych obejmują jedynie niewielkie lokalne próby lub dane uzyskane dla zredukowanej reprezentacji genomu, zazwyczaj pozbawione szczegółowych metadanych. Utrudnia to pełne zrozumienie różnic między osobnikami, które są kluczowe dla przewidywania przyszłych reakcji lasów na zmiany klimatu. Dynamiczny rozwój genomiki oraz technik teledetekcyjnych otwiera nowe możliwości efektywnej oceny różnorodności genetycznej i funkcjonalnej, także u gatunków niemodelowych, z wykorzystaniem już dostępnych zestawów danych. W Polsce i Rumunii występują naturalne populacje buka położone na północno-wschodnich krańcach zasięgu gatunku oraz w cieplejszych jego rejonach. W Karpatach zachowały się również rozległe starodrzewia, w których buki osiągają wiek 400–450 lat. Z kolei w Szwajcarii i Austrii prowadzi się szczegółowy monitoring wzrostu, stanu zdrowotnego i innych właściwości drzewostanów, w tym oceny bioróżnorodności. Występują tam również chronione starodrzewia bukowe po obu stronach Alp. Wnioskodawcy dysponują obecnie zbiorem ponad 1000 georeferencjonowanych genomów *F. sylvatica* pochodzących z całego zasięgu występowania gatunku. ***W ramach projektu planujemy: (1) ocenić zmienność genetyczną na poziomie osobniczym oraz populacyjnym – zarówno w drzewostanach monitorowanych oraz w starodrzewiach krajów partnerskich - w kontekście ogólnej zmienności gatunku, (2) wybrać reprezentatywne osobniki i opracować pangenu gatunku, (3) wykorzystać dane z monitoringu i teledetekcji do szczegółowej charakterystyki środowiska, cech i właściwości wszystkich zsekwencjonowanych osobników włączonych do tworzonej bazy danych, oraz (4) zidentyfikować cechy genomu buka istotne dla adaptacji do zmiennych warunków środowiska.*** Realizacja projektu dostarczy wiedzy niezbędnej do ochrony lasów bukowych oraz adaptacyjnego zarządzania ich zasobami genowymi w warunkach nasilających się globalnych zmian klimatycznych i rosnącej presji antropogenicznej.