

Streszczenie

Zmiany klimatyczne stanowią jedno z najpoważniejszych wyzwań dla współczesnej gospodarki leśnej, wymuszając wdrażanie strategii zarządzania adaptacyjnego. Działania te powinny koncentrować się na wykorzystaniu możliwie najlepiej dostosowanych populacji gatunków drzew leśnych, a w konsekwencji całych ekosystemów wobec dynamicznie zmieniających się warunków środowiskowych. Kluczowym elementem tych strategii jest rozpoznanie i ochrona zasobów genowych drzew leśnych o istotnym znaczeniu ekologicznym i gospodarczym. Utrzymanie ewolucyjnego potencjału adaptacyjnego gatunków w znacznej mierze zależy od posiadanej zmienności genetycznej, dlatego zachowanie możliwie najszerszego jej spektrum jest niezbędne dla zapewnienia ciągłości funkcjonowania ekosystemów leśnych i trwałości gospodarki leśnej. W obliczu pesymistycznych prognoz dotyczących przyszłości lasów zagadnienie to nabiera szczególnego znaczenia.

Niniejsza rozprawa doktorska obejmuje trzy powiązane tematycznie artykuły naukowe, poświęcone sośnie zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.). Jest to kluczowy gatunek złożonych ekosystemów leśnych Eurazji, o ogromnym znaczeniu ekologicznym, gospodarczym i społecznym oraz długiej historii badań podstawowych i stosowanych. Wzorce zmienności neutralnej i adaptacyjnej, historia demograficzna gatunku, a także rola w ekosystemach leśnych są szeroko badane. Na przestrzeni lat podejmowano liczne próby określenia wartości hodowlanej i genetycznej oraz rozpoznania zmienności wewnątrzgatunkowej poprzez wieloletnie badania, w tym również proveniencyjne. Stanowiły one podstawę między innymi do wyróżnienia najcenniejszych drzewostanów sosny, a także wyznaczenia regionów nasiennych. Pomimo tych wieloletnich badań w Polsce nadal brakuje kompleksowej oceny genomowej zmienności najcenniejszych

populacji sosny zwyczajnej w kontekście obowiązującej regionalizacji nasiennej, której zasadność w świetle aktualnej wiedzy może wymagać istotnej rewizji.

Celem podjętych przeze mnie badań było rozpoznanie struktury genetycznej, zmienności fenotypowej i klimatycznej najcenniejszych polskich drzewostanów sosny zwyczajnej, zarządzanych w ramach ścisłego systemu regionalizacji nasiennej. Badaniami objęto 27 wyłączonych drzewostanów nasiennych (WDN), reprezentujących wszystkie 24 aktualnie obowiązujące regiony nasienne sosny zwyczajnej w Polsce. W badaniach uwzględniono również 31 populacji pochodzących z naturalnego zasięgu gatunku w Europie, w tym z dziesięciu karpaccich stanowisk zlokalizowanych w Polsce, które stanowiły grupę referencyjną. W badaniach zastosowano szereg podejść metodologicznych integrujących narzędzia analityczne i dane z zakresu genetyki populacyjnej oraz konserwatorskiej. Uzupełnieniem analiz genetycznych były pomiary cech fenotypowych oraz charakterystyka warunków klimatycznych badanych drzewostanów nasiennych.

Pierwszy artykuł (Lasek i in. 2024; *Evolutionary Applications*, 17: e70038) koncentruje się na scharakteryzowaniu struktury genetycznej aktualnie obowiązujących regionów nasiennych sosny zwyczajnej w Polsce, reprezentowanych przez najcenniejsze wyłączone drzewostany nasienne oraz wybrane drzewa mateczne. W tym celu wykorzystałam zestaw 16 mikrosatelitarnych markerów jądrowych SSR, 13 polimorficznych markerów mitochondrialnego DNA oraz ponad 37 tysięcy markerów SNP. Stwierdziłam wysokie podobieństwo genetyczne badanych populacji oraz znaczny poziom zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego. Obserwowany wzorzec wskazuje na wspólną historię postglacjalną badanych populacji oraz sugeruje potencjalną admiksję różnych pul genowych w trakcie rekolonizacji. Ponadto wykazałam, iż zróżnicowanie

genetyczne badanych drzewostanów nie odzwierciedla ściśle zdefiniowanej regionalizacji nasiennej gatunku w Polsce. Przedstawione wyniki mają zatem istotne znaczenie dla gospodarki leśnej, gdyż stanowią głos w dyskusji na temat rewizji granic regionów nasiennych w Polsce, szczególnie w kontekście niepokojących wyzwań, z którymi obecnie zmagają się sosna zwyczajna w Europie.

W drugiej pracy (Lasek i in., *Forest Ecology and Management*, po recenzjach) poddaję weryfikacji hipotezę zakładającą wspólne pochodzenie polskich drzewostanów sosny zwyczajnej, wynikające z postglacjalnej historii demograficznej gatunku oraz admiksji różnych pul genowych. Przeprowadziłam badania filogeograficzne, stosując obszerny zestaw danych, obejmujący ponad 37 000 genomowych polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) i 12 markerów mitochondrialnego DNA. Pierwotny materiał badawczy rozszerzono o populacje referencyjne pochodzące z Europejskiego zasięgu, w tym również z Karpat Zachodnich, łącznie analizując 56 stanowisk. Wykazałam, iż historyczne wymieszanie się różnych europejskich linii genetycznych zwiększyło różnorodność genetyczną polskich populacji sosny zwyczajnej, zwiększając ich bogactwo genetyczne i zarazem przypuszczalnie potencjał adaptacyjny. W porównaniu do populacji referencyjnych z europejskiego zasięgu, polskie drzewostany WDN odznaczały się wysokim poziomem zróżnicowania genetycznego i wyższym bogactwem haplotypów wewnątrz populacji. Zastosowane podejście pozwoliło również na określenie unikalnej historii ewolucyjnej południowych populacji górskich w Polsce, odznaczających się odmiennymi pulami genowymi. W pracy przedstawiono również implikacje uzyskanych wyników dla adaptacyjnego leśnictwa w kontekście zmian klimatycznych, podkreślając istotne znaczenie polskich populacji w programach zarządzania zasobami genetycznymi gatunku w Europie.

Trzeci manuskrypt (Lasek i in, *Forest Ecology and Management*, w trakcie recenzji), przedstawia analizy integrujące dane fenotypowe i klimatyczne badanych 27 populacji z wyłączonych drzewostanów nasiennych, uzupełnione o informacje genetyczne oparte na markerach SNP oraz modelowanie wydajności produkcji leśnej w prognozowanych scenariuszach zmian klimatycznych. Uzyskane wyniki wskazują na istotne zróżnicowanie fenotypowe badanych drzewostanów, szczególnie w zakresie cech wzrostowych. Sama zmienność klimatyczna okazała się być niewystarczająca, aby wyjaśnić różnice w efektywności wzrostu, a obserwowane zróżnicowanie fenotypowe nie może być wytłumaczone neutralną strukturą genetyczną. Dla pełniejszego zrozumienia genetycznego podłoża obserwowanej zmienności fenotypowej konieczne są dalsze badania, ukierunkowane na identyfikację genomowych sygnałów lokalnej adaptacji, a także testy potomstwa i doświadczenia z wykorzystaniem wspomaganej migracji.

Wyniki badań wskazują na potrzebę rewizji strategii zarządzania populacjami sosny zwyczajnej, w tym zasad regionalizacji stref nasiennych, oraz podkreślają konieczność wykorzystania materiału rozmnożeniowego o wysokim zróżnicowaniu genetycznym. Takie podejście jest kluczowe dla zachowania różnorodności genetycznej, a tym samym utrzymania długoterminowej produktywności i stabilności drzewostanów sosnowych w szybko mieniającym się środowisku. W świetle postępujących zmian klimatycznych oraz już obserwowanych negatywnych ich skutków, należy rozważyć zastosowanie strategii ukierunkowanych na adaptacje względem tych zmian, takich jak wspomagana migracja czy wspomagany przepływ genów.