

Zmiany klimatyczne postępują w bezprecedensowym tempie, prowadząc do utraty bioróżnorodności, a w konsekwencji do zakłócenia funkcjonowania i stabilności ekosystemów. Lasy mają ogromny potencjał w łagodzeniu zmian klimatycznych, jednakże biorąc pod uwagę znaczne tempo tych zmian, przyszłość lasów jest niepokojąca. Zrozumienie, w jaki sposób gatunki mogą reagować na zachodzące zmiany warunków środowiskowych jest jednym z istotnych pytań w biologii ewolucyjnej. Oczekuje się, że zmiany klimatyczne wywołają modyfikacje presji selekcyjnej, które wpłyną na lokalną adaptację determinującą reakcje gatunków. W związku z tym konieczne jest uwzględnienie adaptacyjnej zmienności genetycznej w modelach predykcyjnych, co może przyczynić się do uzyskania dokładniejszych prognoz dotyczących reakcji gatunków na zmiany klimatyczne. Prognozy oparte na danych genomowych zapewniają nowatorskie podejście umożliwiające poszerzenie wiedzy na temat roli potencjału adaptacyjnego gatunków do tych zmian; jednak nie uwzględniają hybrydyzacji międzygatunkowej. Proces ten może prowadzić do deprecjacji gatunków, ale może również wzmocnić potencjał adaptacyjny poprzez adaptacyjną introgresję. Ostatnie badania poszerzyły nasze zrozumienie tych procesów; jednak, czy i jak hybrydyzacja wpływa na reakcję gatunków w obliczu zmian klimatycznych nadal pozostaje słabo poznana. Przewidywanie potencjalnego wpływu hybrydyzacji ma kluczowe znaczenie, ale stanowi również wyzwanie i obejmuje połączenie ogromnej ilości danych ekologicznych i genomowych. W projekcie koncentrujemy się na genetycznej zmienności adaptacyjnej determinującej ewolucyjną odpowiedź gatunków. W szczególności próbujemy oszacować rolę międzygatunkowej hybrydyzacji jako mechanizmu przyczyniającego się do zwiększenia potencjału adaptacyjnego drzew w kontekście zmian klimatycznych. Do badań wybraliśmy blisko spokrewnione gatunki, *Fagus orientalis* i *F. sylvatica*, które są ważnymi składnikami lasów w Europie i Azji Zachodniej. Badane gatunki charakteryzują się zróżnicowanym występowaniem i preferencjami siedliskowymi, ale jednak krzyżują się w wąskiej strefie kontaktu w południowo-wschodniej Europie. Prognozuje się, że w wyniku zmian klimatycznych rozmieszczenie tych gatunków zmieni się znacząco, a w konsekwencji również wielkość strefy ich kontaktu, a tym samym wzorzec hybrydyzacji. Zwłaszcza niepokojąca jest przewidywana redukcja zasięgu *F. sylvatica* w południowej Europie. Biorąc pod uwagę rosnące obawy o przetrwanie tego gatunku, bardziej odporny na suszę *F. orientalis* wydaje się być alternatywą. Jednak stosowanie rozwiązań ukierunkowanych na łagodzenie zmian klimatycznych, takich jak migracja wspomagana, rodzi uzasadnione obawy, które wymagają dokładnych badań. Rozpoznanie zakresu hybrydyzacji międzygatunkowej i jej potencjalnej roli jest zatem niezbędne do oceny zagrożeń i uniknięcia niepowodzeń podejmowanych działań w zakresie zarządzania zasobami tych gatunków. W projekcie wykorzystujemy techniki resekwencjonowania całego genomu, a także podejście łączące metody genomiki populacyjnej z zaawansowanymi technikami przestrzennego modelowania w oparciu o genetyczną zmienność adaptacyjną gatunków. W pierwszej kolejności określimy genomowe podstawy dywergencji między *F. sylvatica* i *F. orientalis* oraz zweryfikujemy, czy wykazany wzorzec jest związany z ich odmiennymi preferencjami środowiskowymi. Badając zakres hybrydyzacji ustalimy, czy przekazywane allele między badanymi gatunkami w strefie kontaktu są zaangażowane w lokalną adaptację do warunków klimatycznych. Następnie określimy wzorce rozmieszczenia genetycznej zmienności adaptacyjnej w obrębie zasięgów badanych gatunków. Uzyskane informacje posłużą do genomowego modelowania odpowiedzi gatunków w oparciu o scenariusze przyszłych zmian klimatycznych. Pomoże nam to odpowiedzieć na pytanie dotyczące możliwej roli hybrydyzacji w adaptacji tych gatunków do nowych warunków środowiskowych. Innowacyjnym elementem projektu jest zastosowanie modelowania opartego na danych genomowych, które może uchwycić zarówno adaptacyjne, jak i nieadaptacyjne wzorce, a także rozważyć hybrydyzację jako mechanizm zwiększający potencjał adaptacyjny gatunków. Projekt niewątpliwie poszerzy rozwijającą się dziedzinę genomiki krajobrazu, dostarczając danych na temat roli hybrydyzacji w ewolucyjnej odpowiedzi blisko spokrewnionych gatunków drzew w obliczu zmian

klimatycznych. Zrozumienie wpływu tego procesu może mieć ogromny potencjał w zakresie zarządzania i ekologii lasu, a także ochrony zasobów genowych gatunków drzew. Ponadto, w porównaniu z innymi gatunkami, ewolucyjne i ekologiczne konsekwencje hybrydyzacji między badanymi gatunkami nie były szczegółowo analizowane, co przyczyni się do pogłębienia naszej wiedzy na temat hybrydyzacji gatunków drzewiastych. Podjęta tematyka badań, wpisuje się zatem w zakres nauk biologicznych i leśnych.