

Buk zwyczajny (*Fagus sylvatica* L.) jest ważnym gatunkiem drzew leśnych w Europie Środkowej, zarówno z ekonomicznego, jak i ekologicznego punktu widzenia. Jednak pomimo intensywnych wysiłków środowiska naukowego niewiele wiadomo na temat ogólnogenomowej zmienności tego gatunku, rozkładu tej zmienności między populacjami oraz w jaki sposób zmienność ta determinuje potencjał adaptacyjny gatunku w obliczu globalnych zmian klimatycznych. Ograniczenia te były częściowo spowodowane niedoborem informacji na temat genomu buka; jednak ostatnio zespoły składające niniejszy projekt opublikowały wspólnie wysokiej jakości genom referencyjny buka. Podejmowane wspólne wysiłki zmierzające do zbadania różnorodności genetycznej i jej uwarunkowań na poziomie genomowym buka powinny być przynieść korzyści dla obu krajów, ale również dla całej społeczności naukowej i leśnictwa europejskiego. Badania z zakresu genomiki populacji buka na północno-wschodnich granicach występowania gatunku są szczególnie interesujące w kontekście ekspansji zasięgu gatunku związanej ze zmianami klimatycznymi.

Stosując podejście pełnego sekwencjonowania genomu (WGS), przeprowadzimy resekwencjonowanie łącznie 360 osobników buka. Zbadamy różnorodność genetyczną i zróżnicowanie naturalnych populacji *Fagus sylvatica* reprezentujących trzy główne linie refugialne tego gatunku (populacje referencyjne), które zostały zdefiniowane w Europie Środkowej na podstawie naszych wcześniejszych badań przeprowadzonych za pomocą metod skanowania genomów (ddRADseq). Dodatkowo, w oparciu o populacje pośrednie w stosunku do populacji referencyjnych, zbadamy proces admiksji między różnymi liniami refugialnymi na poziomie genomowym i spróbujemy zidentyfikować regiony genomu wykazujące asymetrię admiksji, przypuszczalnie ważne w procesie adaptacji wspomaganej przez admiksję linii refugialnych. W populacjach referencyjnych zbadamy, w jaki sposób neutralna i adaptacyjna różnorodność genetyczna jest przekazywana młodszym pokoleniom i spróbujemy odnaleźć dowody świadczące o procesie adaptacji zachodzącej w populacjach zlokalizowanych w różnych częściach zasięgu gatunku. Wyniki badań będą miały ogromne znaczenie dla zrozumienia mechanizmów leżących u podstaw zmian w neutralnych i adaptacyjnych regionach genomowych, które będą istotne dla zarządzania zasobami genetycznymi tego gatunku w kontekście ochrony genów, ale także w praktyce leśnej, w tym hodowli lasu i wspomaganej migracji.

Oba zespoły badawcze składające niniejszy projekt mają wyraźnie określone i uzupełniające się obszary działalności naukowej. Niemiecki zespół ma wieloletnie doświadczenie z zakresu genomiki, ewolucji genomów, filogenezy, różnorodności gatunków i systematyki. Polski zespół ma doświadczenie w zakresie genetyki populacji i genomiki drzew leśnych, ochrony zasobów genowych, systemu kojarzenia i przepływu genów u roślin, szczególnie u drzew leśnych. Współpraca podczas realizacji tego projektu będzie korzystna dla obu grup badawczych i prawdopodobnie doprowadzi do długofalowej współpracy ukierunkowanej na badania z zakresu genomiki populacyjnej.