

### **Popularnonaukowe streszczenie projektu**

Lasy odgrywają ogromną rolę w przyrodzie stanowiąc obszary dla występowania ponad połowy całej bioróżnorodności ziemskiej. Gatunki drzew tworzące lasy składają się z populacji występujących w różnych warunkach środowiskowych, do których muszą się dostosować aby przetrwać. Badania wykazały, że populacje różnią się między sobą szeregiem cech w tym szybkością wzrostu, odpornością na niską temperaturę, czy suszę. Ta zmienność jest wynikiem ich odpowiedzi na czynniki środowiskowe i towarzyszącą im z pokolenia na pokolenie selekcję osobników najlepiej przystosowanych. Procesy historyczne, które doprowadziły do powstania współczesnych zasięgów gatunków oraz procesy ewolucyjne związane z wykształceniem zmienności fenotypowej są nadal bardzo słabo poznane. Tymczasem poznanie historii populacji gatunków drzew leśnych w skali ich zasięgu w tym dróg ich migracji i mieszania się populacji o różnym pochodzeniu jest kluczowe w badaniach genetycznych podstaw zmienności populacji i przewidywania możliwej odpowiedzi ekosystemów leśnych do postępujących zmian środowiskowych. W projekcie badaniom poddane zostaną cztery gatunki sosen o dużym znaczeniu ekologicznym i ekonomicznym rosnące na dużych obszarach w Europie. Trzy z nich tj. sosna zwyczajna, kosodrzewina oraz sosna błotna występują również w Polsce, natomiast czwarty gatunek sosna hakowata występuje na południu Europy. W badaniach wykorzystane zostaną markery genetyczne w tym genomu mitochondrialnego i jądrowego DNA, których zmienność zostanie określona w kilkudziesięciu populacjach badanych gatunków z zasięgu ich występowania. Te analizy genetyczne wykonane z użyciem najnowszych metod sekwencjonowania DNA dostarczą danych pozwalających określić strukturę i historię tworzenia się populacji w zasięgu ich występowania. Badania pozwolą także odpowiedzieć na szereg pytań dotyczących mechanizmów kształtowania się różnic pomiędzy populacjami, wiedzy istotnej dla zachowania i efektywnego gospodarowania zasobami leśnymi w skali światowej. Prezentowany projekt jest pionierski w zakresie wykorzystania najnowszych danych genetycznych oraz zaawansowanych metod laboratoryjnych i analitycznych pozwalających na analizę szeregu miejsc polimorficznych DNA w skali kilkuset osobników z zasięgu europejskiego badanych gatunków. Wyniki badań pozwolą na weryfikację hipotez dotyczących historii populacji i ewolucji badanych taksonów. Wniosą one szczególny wkład w rozwój genetyki populacyjnej i genomiki środowiskowej drzew leśnych.