

Zmiany klimatyczne postępują w bezprecedensowym tempie, prowadząc do utraty bioróżnorodności, a w konsekwencji do zakłócenia funkcjonowania i stabilności ekosystemów. Lasy, które są siedliskiem znaczącej bioróżnorodności, a tym samym są jednym z najważniejszych ekosystemów lądowych, mają ogromny potencjał w łagodzeniu zmian klimatycznych. Biorąc pod uwagę znaczne tempo tych zmian, przyszłość lasów jest niepokojąca. Ze względu na długowieczność, wiele gatunków drzew może nie być w stanie przystosować się do obecnego tempa zmian klimatycznych, co może być przyczyną redukcji liczebności ich populacji, a nawet wymarcia. Zdolność gatunków do reagowania na zmiany klimatu bazuje na strategii ukierunkowanej na zmianę zasięgu występowania, odpowiedzi fenotypowej (plastyczność fenotypowa) oraz adaptacji. Potencjał adaptacyjny u drzew tkwi w posiadanej zmienności genetycznej, dlatego tak dużą uwagę przywiązuje się do zachowania jak najszerszego jej spektrum. Zrozumienie, w jaki sposób gatunki mogą reagować na zachodzące zmiany klimatyczne, jest jednym z najpilniejszych pytań w biologii i ochronie przyrody. Czy możemy przewidzieć reakcje gatunków? Dzięki dostępnym technikom modelowania jest to możliwe. Obecnie proponuje się nowatorskie podejście integrujące tradycyjne modele predykcyjne oparte na danych o występowaniu gatunku i scenariuszach przyszłych zmian klimatycznych z genetyczną zmiennością adaptacyjną populacji. Zastosowanie tego podejścia pozwala na bardziej dokładne przewidywanie odpowiedzi gatunków na zachodzące zmiany klimatyczne.

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 gatunków w kontekście zmian klimatycznych. Do badań wybraliśmy blisko spokrewnione gatunki, buk pospolity i buk wschodni, 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 buka pospolitego w południowej Europie. Biorąc pod uwagę rosnące obawy o przetrwanie tego gatunku, bardziej odporny na suszę buk wschodni wydaje się być alternatywą. Jednak stosowanie rozwiązań ukierunkowanych na łagodzenie zmian klimatycznych, takich jak migracja wspomagana, rodzi uzasadnione obawy, które wymagają dokładnych badań. Zbadanie 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 wykorzystamy najnowsze techniki resekwencjonowania całego genomu, a także zastosujemy 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 bukiem pospolitym i bukiem wschodnim oraz zweryfikujemy, czy wykazany wzorzec jest związany z ich odmiennymi preferencjami środowiskowymi. Badając zakres hybrydyzacji ustalimy, czy przekazywane geny 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. Potencjalnie hybrydyzacja może prowadzić do wzmocnienia potencjału adaptacyjnego buka pospolitego w wyniku transferu korzystnych genów pochodzących od buka wschodniego. Jednakże może również doprowadzić do „zalanania” jego puli genowej, a w konsekwencji do jego zastąpienia przez lepiej przystosowanego do zmieniających się warunków buka wschodniego w południowo-wschodniej Europie.

Innowacyjnym elementem projektu jest zastosowanie modelowania opartego na genomie, które może uchwycić zarówno adaptacyjne, jak i nieadaptacyjne wzorce, a także rozważyć hybrydyzację jako mechanizm zwiększający potencjał adaptacyjny gatunków. Do tej pory nie uwzględniono roli hybrydyzacji w modelach predykcyjnych. Projekt niewątpliwie poszerzy rozwijającą się dziedzinę genomiki krajobrazu, dostarczając danych na temat roli hybrydyzacji w ewolucyjnej odpowiedzi gatunków drzew. Zrozumienie wpływu tego procesu może mieć ogromny potencjał w zakresie ekologii lasu, zarządzania i ochrony zasobów genowych gatunków drzew. Ponadto, w porównaniu z innymi gatunkami, takimi jak dęby, topole czy sosny, ewolucyjne i ekologiczne konsekwencje hybrydyzacji między badanymi gatunkami nie były szczegółowo analizowane. Przyczyni się to również do pogłębienia naszej wiedzy na temat hybrydyzacji gatunków drzewiastych.