

Współczesne populacje organizmów są coraz częściej narażone na gwałtowne zmiany środowiskowe – od zmian klimatycznych i utraty siedlisk po rozprzestrzenianie się szkodliwych patogenów. Czynniki te wywierają silną presję selekcyjną, wymagając od populacji szybkiego przystosowania. Jednym z kluczowych mechanizmów umożliwiających taką reakcję jest adaptacja poligeniczna polegająca na subtelnych, skoordynowanych zmianach częstości alleli w wielu genach jednocześnie. Wykrycie tego procesu w naturalnych populacjach jest jednak trudne, jeśli korzystamy wyłącznie z tradycyjnych metod genetyki ilościowej. Dlatego niezbędne jest zastosowanie najnowocześniejszych podejść genomiki obejmujących sekwencjonowanie pełnych genomów populacji oraz analizy asocjacyjne całego genomu, zintegrowane z metodami predykcji genomowej. Takie połączenie pozwala precyzyjnie przewidywać potencjał adaptacyjny i reakcje na selekcję. Badania nad zmianami częstości alleli przed i po pojawieniu się nowej presji selekcyjnej, a także analiza różnych klas wiekowych w obrębie tej samej populacji, umożliwiają lepsze zrozumienie dynamiki adaptacji poligenicznej. Jest to szczególnie istotne w przypadku drzew leśnych, które dzięki swojej długowieczności i liczным pokoleniom potomnym stanowią wyjątkowy model do śledzenia zmian adaptacyjnych zachodzących w czasie.

Możliwość zastosowania tych zaawansowanych podejść genomowych jest szczególnie obiecująca w przypadku jesionu wyniosłego (*Fraxinus excelsior* L.), który obecnie mierzy się z podwójnym zagrożeniem: chorobą wywołaną przez inwazyjnego grzyba *Hymenoscyphus fraxineus* oraz nadciągającą inwazją szmaragdowego świdra jesionowego (*Agrilus planipennis*). Od momentu wykrycia choroby w Polsce w 1990 roku, patogen ten spowodował spustoszenie wśród jesionów na terenie całej Europy, a najnowsze dane wskazują na alarmujące wskaźniki śmiertelności sięgające nawet 100% w lasach naturalnych. Pojawienie się nowego inwazyjnego patogenu wywołało silną presję selekcyjną, która, w połączeniu z dziedziczną zmiennością odporności w populacji, może szybko prowadzić do znaczących zmian w częstościach alleli genów związanych z odpornością. Co więcej, intensywność tej selekcji różni się wśród grup wiekowych jesionów.

Głównym celem proponowanych badań jest odkrycie i scharakteryzowanie mechanizmów ewolucyjnych leżących u podstaw adaptacyjnych odpowiedzi populacji jesionu wyniosłego na silną presję selekcyjną wywieraną przez inwazyjny patogen grzybowy *H. fraxineus*. Pełne zrozumienie dynamiki tego procesu będzie możliwe dzięki zintegrowaniu podejścia genomowego z analizą czynników środowiskowych. W tym celu przeprowadzimy szczegółową analizę różnorodności genomowej badanych populacji, koncentrując się na zmienności ujawnianej we wszystkich dostępnych polimorfizmach obejmujących cały genom – w tym SNP, insercjach/delecjach (InDel) oraz wariantach strukturalnych (CNV, PAV, inwersje, translokacje i duplikacje fragmentów DNA). Badania obejmą trzy naturalne populacje w Polsce (Czerwony Dwór, Jawor i Kwidzyn) oraz trzy grupy wiekowe: siewki, młodsze drzewa i dorosłe osobniki. Pozwoli to na ocenę zależności odpowiedzi adaptacyjnych od wieku, zarówno w obrębie pojedynczych populacji, jak i pomiędzy nimi. Aby osiągnąć te cele, wprowadzimy dwie innowacje.

Pierwszą innowacją będzie wykorzystanie szacowanych genomowych wartości hodowlanych (GEBVs) do identyfikacji adaptacji poligenicznej. Dokonamy tego poprzez porównanie przewidywanych GEBVs (opartych na pokrewieństwie genetycznym) z obserwowanymi GEBVs (opartymi na markerach związanych z odpornością), zarówno w obrębie, jak i pomiędzy populacjami. Analiza tych porównań w różnych klasach wiekowych pozwoli określić, czy zaobserwowane zmiany częstości alleli wynikają z presji selekcyjnej czy ze specyficznej struktury genetycznej populacji. Dodatkowo, przy użyciu macierzy pokrewieństwa genomowego, oszacujemy odziedziczalność odporności jesionu na patogen *H. fraxineus* w populacjach naturalnych.

Drugą innowacją będzie zintegrowanie danych środowiskowych z danymi genomowymi, aby zbadać, jak zmienność warunków środowiskowych wpływa na adaptacyjne reakcje populacji jesionu wyniosłego. Analizując dane o stanie zdrowotnym drzew w powiązaniu z czynnikami środowiskowymi, będziemy mogli ustalić, w jaki sposób różne warunki środowiskowe modulują odpowiedź adaptacyjną na presję selekcyjną. Ponadto zidentyfikujemy interakcje genotyp–środowisko, które mogą zwiększać lub ograniczać potencjał adaptacyjny jesionów.

Te dwa innowacyjne podejścia zapewnią kompleksowy wgląd w dynamikę adaptacyjnych odpowiedzi populacji jesionu wyniosłego, kształtowanych przez zmienność genetyczną, środowiskową oraz ich wzajemne interakcje. W przeciwieństwie do wcześniejszych badań, które skupiały się oddzielnie na analizie genomowej lub identyfikacji czynników środowiskowych, niniejsze podejście unikalnie łączy oba te aspekty, aby uchwycić złożoną dynamikę interakcji genetyki, środowiska i adaptacji w przypadku długowiecznego gatunku drzewa. Projekt dąży do opracowania solidnych podstaw dla strategii ochronnych, uwzględniających nie tylko odporność na zamieranie jesionu, ale również potencjalne przyszłe zagrożenia, takie jak szmaragdowy świder jesionowy. Wyniki badań przyczynią się do tworzenia bardziej odpornych populacji jesionu dzięki zastosowaniu narzędzi genomiki w programach hodowlanych, a także do zrównoważonego zarządzania zasobami leśnymi.