

## Zmienność genetyczna sosny zwyczajnej na podstawie mitochondrialnych markerów DNA

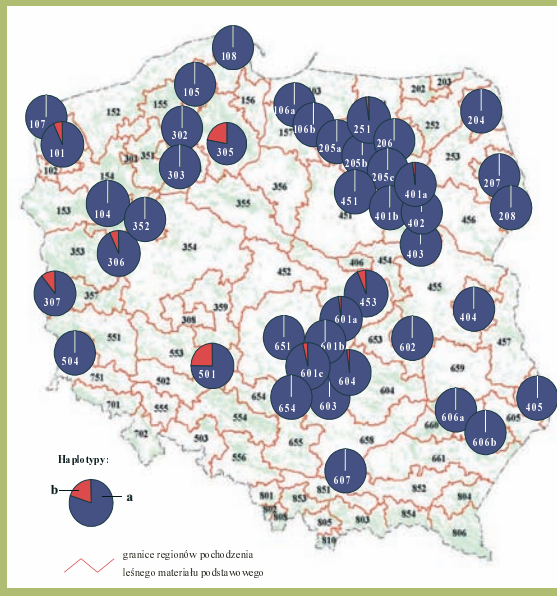
dr Justyna A. Nowakowska

Zakład Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych, Instytut Badawczy Leśnictwa, Sękocin Stary, ul. Braci Leśnej 3, 05-090 Raszyn, J.Nowakowska@ibles.waw.pl

Zachowanie zasobów genowych sosny zwyczajnej zakłada poznanie stopnia zróżnicowania genetycznego w obrębie gatunku oraz zbadanie podobieństwa genetycznego populacji.

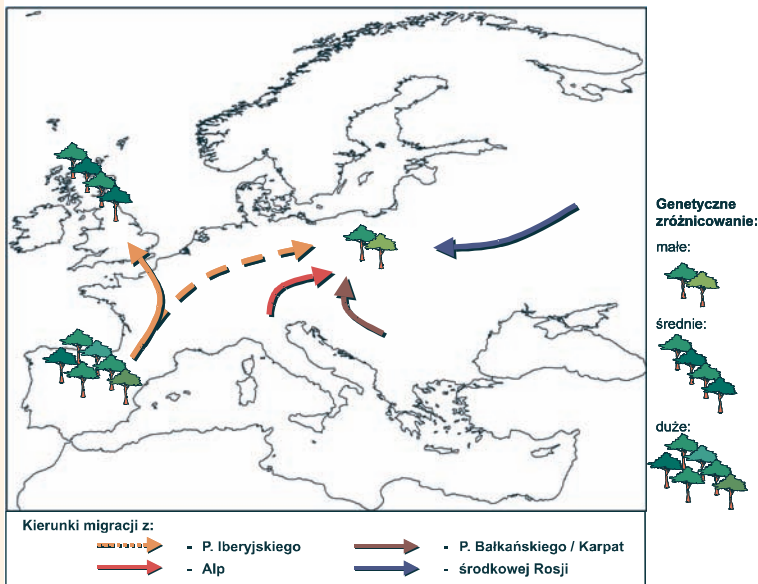
W Lasach Państwowych od 1988 r. obowiązuje regionalizacja nasienna podstawowych gatunków drzew leśnych, która ma na celu zminimalizowanie strat spowodowanych hodowlą odmian nieprzystosowanych do warunków klimatycznych i siedliskowych danego terenu.

Charakterystyka genetyczna zasobów genowych, określona na podstawie zmienności DNA daje pełny obraz poziomu zróżnicowania genetycznego danych populacji. Badania DNA mitochondrialnego, które jest przekazywane



Ryc. 1. Frekwencja występowania haplotypów (wariantów) „a” i „b” mitochondrialnego genu w populacjach sosny zwyczajnej. Badane populacje oznaczono numerami regionów pochodzenia leśnego materiału podstawowego

**Ryc. 2.** Schemat głównych dróg migracji Leśnego Materiału Rozmnożeniowego (LMR) sosny zwyczajnej z refugium europejskich na teren Polski. Linia pomarańczową „pełną” oznaczono migracją z Półwyspu Iberyjskiego do Szkocji. Linia pomarańczowa „przerywana” oznacza hipotetyczną drogę do Polski. Im większa gama kolorów korony drzew na schemacie, tym większe zróżnicowanie genetyczne populacji w danym kraju



potomstwu przez matkę u drzew iglastych, umożliwia analizę przepływu genów z pokolenia na pokolenie i określenie pokrewieństwa genetycznego gatunku.

Zmienność DNA mitochondrialnego analizowano w 42 populacjach sosny zwyczajnej, zlokalizowanych w 38 regionach pochodzeń, reprezentowanych przez jeden lub dwa drzewostany.

Materiał do analiz (igły) pozyskano poprzez zestrzeliwanie pędów ze średnio 33 drzew sosny w drzewostanie. Do analiz wybierano drzewa zdrowe, losowo położone w drzewostanach w średnim przedziale wieku od 90 do 174 lat. Wybór ograniczono do drzewostanów rodzimych, stanowiących rozmnożeniową bazę nasienną, na którą składają się wyłącznie drzewostany nasienne (WDN) lub gospodarcze drzewostany nasienne (GDN). Analizy zmienności genetycznej sosny zwyczajnej przeprowadzono na podstawie markerów DNA mitochondrialnego – ang. STS, czyli polimorfizmu miejsc znaczonych sekwencyjnie, identyfikujących zmienność struktury badanego mitochondrialnego genu. Na podstawie otrzymanych wyników badań uzyskano dla *P. sylvestris* dwa warianty mitochondrialnej sekwencji genu „a” i „b”, różniące się wielkością fragmentu DNA (ryc. 1).

Najczęściej spotykanym w badanych populacjach był haplotyp „a” (96,4 %), który występował na terenie całego kraju, ze szczególnie wysoką frekwencją w północno-wschodniej Polsce. Rzadki haplotyp „b” (3,6% w skali kraju) występował w zachodniej, środkowej i południowo-wschodniej Polsce, a największy jego udział odnotowano w populacjach z Polski zachodniej.

W porównaniu do wyników innych badań zmienności mitochondrialnego DNA u sosny w Europie, polskie drzewostany sosnowe charakteryzuje niski stopień zróżnicowania genetycznego (ryc. 2). Jak wynika z danych literaturowych, najbardziej zróżnicowane są populacje sosny w Hiszpanii, potem w Szkocji, a następnie w Polsce.

Obecność w badanych drzewostanach *P. sylvestris* rzadkiego haplotypu „b”, występującego przede wszystkim na Półwyspie Iberyjskim, wskazuje na pewne powinowactwo polskich populacji sosny z hiszpańskimi, prawdopodobnie powstałe bardziej na skutek transferu nasion w przeszłości niż na skutek migracji polodowcowej sosny z odległego refugium z Hiszpanii.

Dane te mogą być wykorzystane do identyfikacji osobniczej i populacyjnej drzewostanów sosnowych w naszych lasach, przydatne do określenia podobieństwa genetycznego drzew na poziomie wewnątrz- i międzypopulacyjnym oraz do badań przepływu genów w drzewostanach.