

Zmienność genetyczna świerka pospolitego w Polsce na podstawie markerów RAPD

Justyna Nowakowska

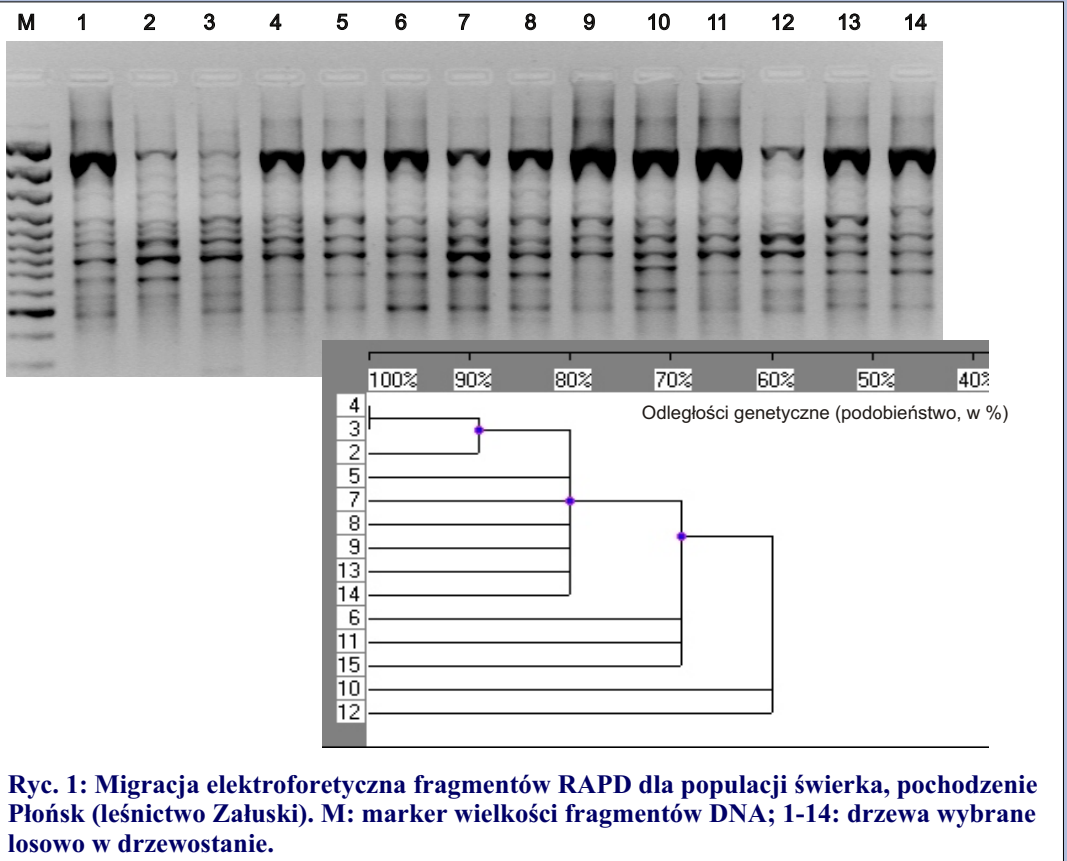
Instytut Badawczy Leśnictwa,
Zakład Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych
e-mail: j.nowakowska@ibles.waw.pl

Obecny obszar występowania świerka pospolitego (*Picea abies* L. Karst.) – jednego z podstawowych gatunków drzew w naszych lasach, jest podzielony w Polsce na dwa podzasięgi – zasięg południowy oraz północny (obejmujący Fenoskandię i Centralną Rosję). Prawdopodobnie zasięgi te ukształtowały się w drodze migracji świerka z dwóch głównych refugium (ostoi) polodowcowych – zasięg południowy z refugium w Karpatach Wschodnich, a zasięg północny z refugium w centralnej Rosji. Przez Niż Polski i pasmo Beskidów przebiega pas „beźświerkowy”, czyli środkowopolska i karpacka dysjunkcja świerka w Europie.

Przeprowadzone w Zakładzie Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych badania zmienności genetycznej dwudziestu polskich pochodzeń świerka pospolitego umożliwiły poznanie struktury genetycznej świerka z obu podzasięgów tego gatunku w Polsce. W badaniach tych określono zróżnicowanie genetyczne i podobieństwo filogenetyczne pomiędzy pochodzonymi dzięki zastosowaniu molekularnych markerów DNA (RAPD – z ang. Randomly Amplified Polymorphic DNA, czyli polimorficzne, amplifikowane losowo DNA). Podobne badania w odniesieniu do sosny zostały zaprezentowane w Notatniku Naukowym IBL nr 4(64)/2004 (XII).

Obiektem obecnych badań było 20 polskich pochodzeń świerka: 5 z zasięgu północnego, 12 z zasięgu południowego, 2 pochodzenia z pasa beźświerkowego na Niżu Polskim (pochodzenia Płońsk i Karniszewice) oraz 1 pochodzenie z beźświerkowego pasa śródkarpackiego (Piwniczna).

Wysoki stopień podobieństwa wewnątrzpopulacyjnego charakteryzuje pochodzenie Płońsk, gdyż wszystkie analizowane drzewa mają ponad 60% identycznych fragmentów DNA (ryc. 1). Równie wysoki poziom po-

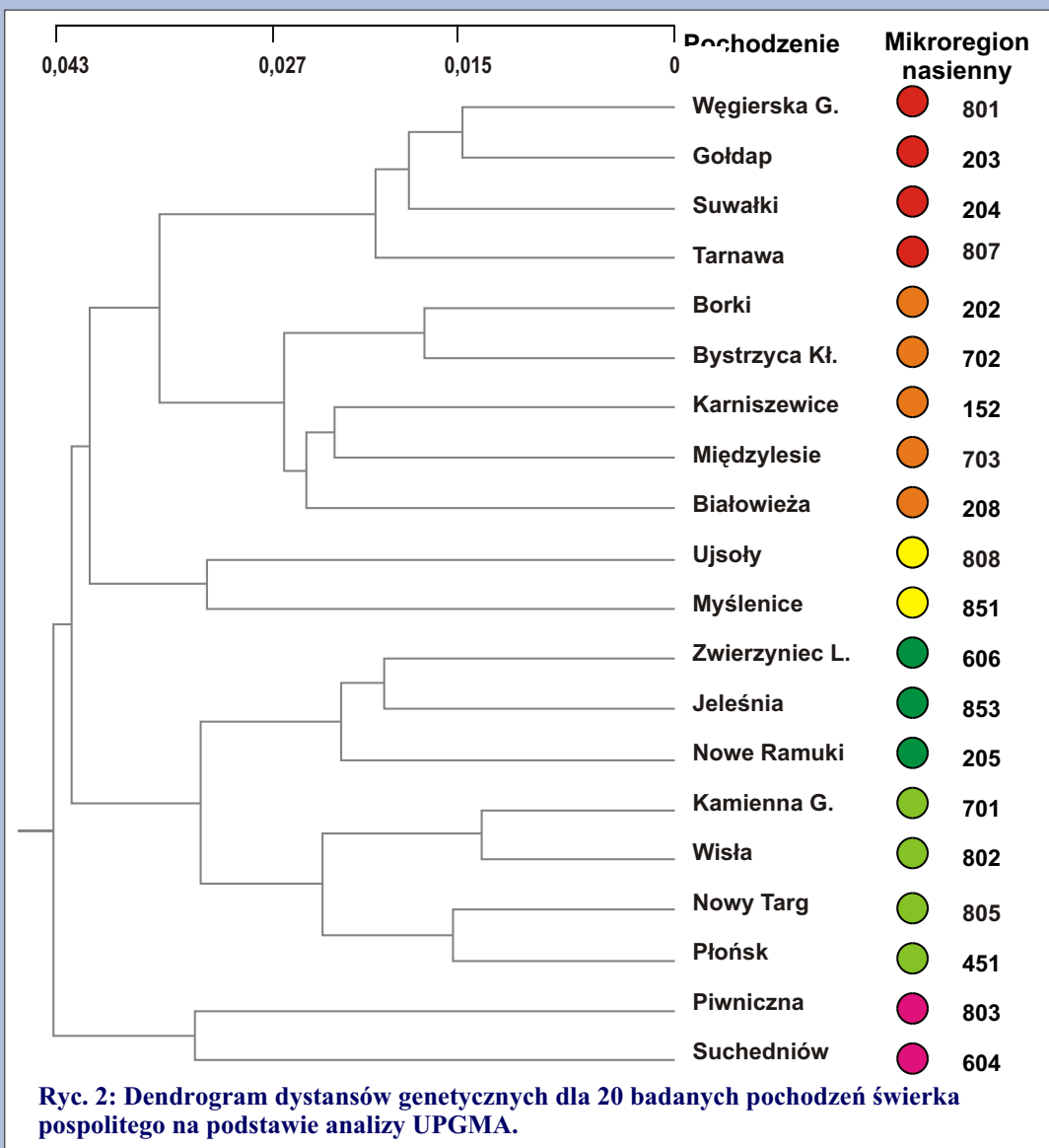


Ryc. 1: Migracja elektroforetyczna fragmentów RAPD dla populacji świerka, pochodzenie Płońsk (leśnictwo Załuski). M: marker wielkości fragmentów DNA; 1-14: drzewa wybrane losowo w drzewostanie.

limorfizmu DNA określono dla takich pochodzeń, jak Suwałki, Nowe Ramuki, Międzyzlesie, Tarnawa, Wisła i Zwierzyniec Lubelski. Na ogół populacje świerka pospolitego z południowej Polski charakteryzują się większą zmiennością wewnątrzpopulacyjną, a różnice genetyczne między nimi są większe niż w przypadku pochodzeń z północnej części kraju.

Analiza pokrewieństwa genetycznego między wszystkimi badanymi pochodzeniami świerka, określonego na podstawie analizy skupień metodą średnich połączeń (ang. UPGMA – *unweighted pair-group method of arithmetic averages*), pozwoliła wyróżnić 3 główne grupy pochodzeń zbliżonych filogenetycznie: Węgierska Górka i Myślenice (grupa 1), Zwierzyniec Lub. i Płońsk (grupa 2) oraz Piwniczna i Suchedniów (grupa 3) (ryc. 2). Pochodzenia Piwniczna i Suchedniów są w najmniejszym stopniu spokrewnione z pozostałymi pochodzeniami, gdyż dzieli je od pozostałych grup największy dystans genetyczny (ryc. 2). Analizując rozmieszczenie geograficzne polskich pochodzeń świerka zbliżonych filogenetycznie, nie stwierdzono korelacji między wyodrębnionymi grupami a ich położeniem.

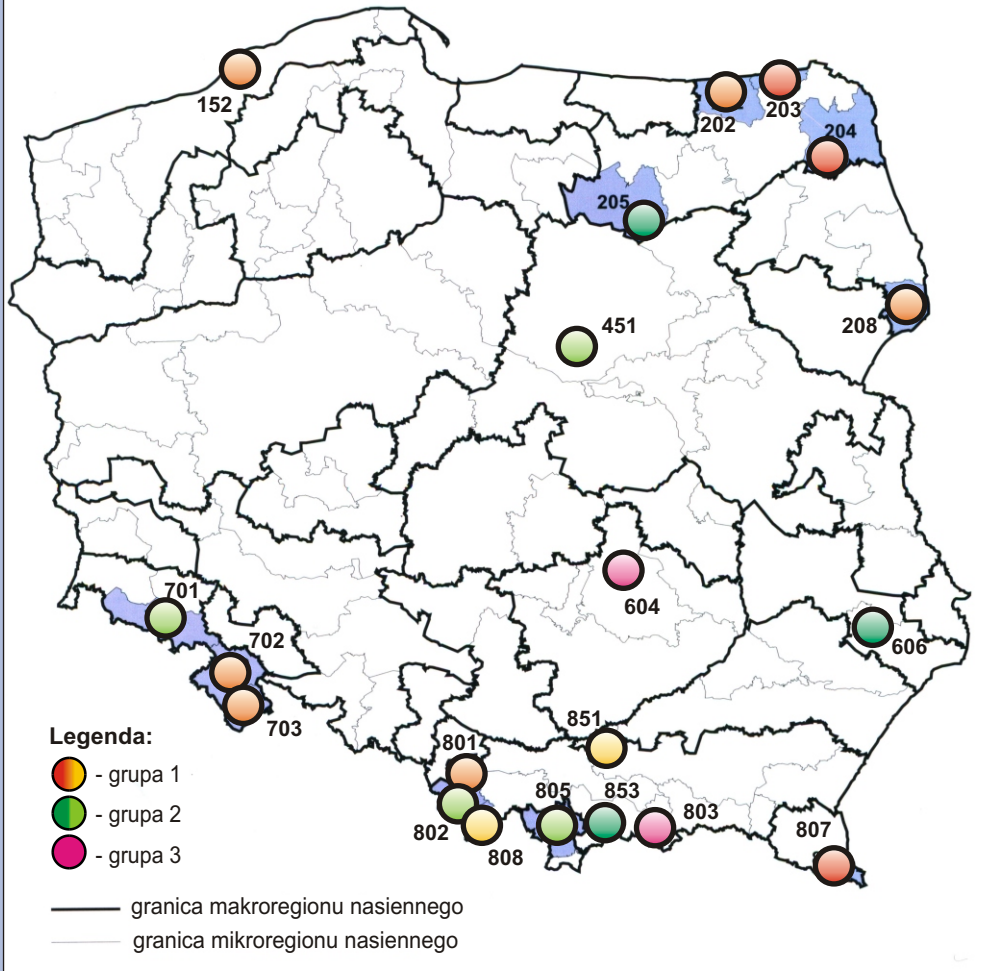
Wszystkie trzy pochodzenia świerka z tzw. pasa bezświerkowego okazały się należeć do odrębnych grup filogenetycznych: pochodzenie Karniszewice (mikroregion 152) jest genetycznie spokrewnione z pochodzeniami grupy pierwszej, pochodzenie Płońsk (mikroregion 451) – z pochodzeniami grupy drugiej, a pochodzenie Piwniczna (mikroregion 803) jest spokrewn-



nione z pochodzeniem Suchedniów (grupa trzecia) (ryc. 3). Tak więc zastosowanie markerów RAPD wykazało, że rozmieszczenie geograficzne genotypów świerka w Polsce jest losowe, niezależne od położenia względem południowego lub północnego zasięgu tego gatunku. Losowy profil zmienności świerka w Polsce wykazały również podobne badania oparte na markerach izoenzymatycznych.

Na podstawie dokumentów historycznych wiadomo, że dwa główne zasięgi świerka w Europie – zasięg południowy (karpacki) i północny (środkowo-rosyjski), spotkały się w przeszłości na terenie naszego kraju, natomiast brak tego gatunku w pasie między nimi jest w dużej mierze spowodowany gospodarczą działalnością człowieka. Obecność filogenetycznych po-

Ryc. 3. Geograficzne rozmieszczenie badanych pochodzeń świerka pospolitego, według pokrewieństwa filogenetycznego na podstawie analizy UPGMA. Numerami oznaczono mikroregiony nasienne pochodzeń opisanych na ryc. 2.



wiązań genotypów świerka z południowego i północnego zasięgu świerka, wykrytych dzięki zastosowaniu markerów RAPD, wskazuje na połączenie się dwóch pul genowych *Picea abies* na terenie Polski. Dodatkowo, wysokie pokrewieństwo genetyczne populacji z pasa bezświerkowego względem pochodzeń z innych regionów Polski może świadczyć o dużej ingerencji człowieka w skład genotypowy tego gatunku, m.in. poprzez wymianę materiału rozmnożeniowego świerka między różnymi obszarami.