

Czy istnieją różnice między świerkiem pospolitym z północnego i południowego zasięgu występowania w Polsce na podstawie analiz 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

W Polsce przynależność populacji świerka pospolitego (*Picea abies* L. Karst.) do dwóch zasięgów występowania tego gatunku w Europie – zasięgu południowego (Karpaty i Alpy) lub północnego (Fennoskandia i Centralna Rosja) jest stale kwestią sporną. Powstały w wyniku działalności człowieka na Niżu Polskim i w paśmie Beskidów tzw. pas bezświerkowy geograficznie oddziela obecnie oba wyżej wymienione zasięgi i utrudnia określenie miejsca, w którym dwie główne pule genowe tego gatunku (północna i południowa) spotkały się w okresie migracji polodowcowej. Prowadzone dotąd badania zmienności genetycznej polskich populacji świerka na podstawie markerów DNA jądrowego (RAPD) nie dały jednoznacznej odpowiedzi czy obie pule genowe różnią się od siebie (Notatnik Naukowy IBL nr 7(67)/2004(XII)).

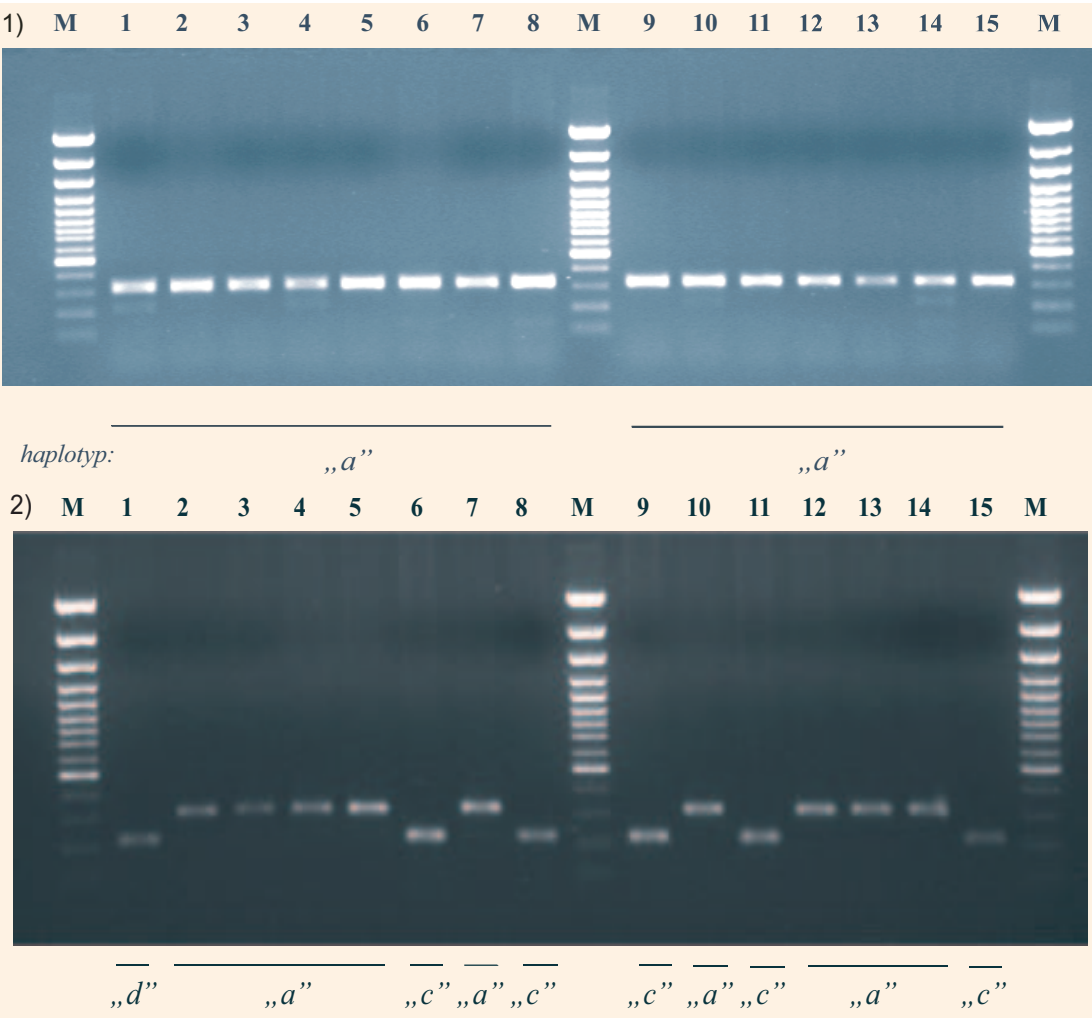


Fot. Archiwum Instytutu Leśnictwa i Włosa

Instytut Badawczy Leśnictwa

Sękocin Stary, ul. Braci Leśnej 3, 05-090 Raszyn,

e-mail: ibl@ibles.waw.pl; www.ibles.pl

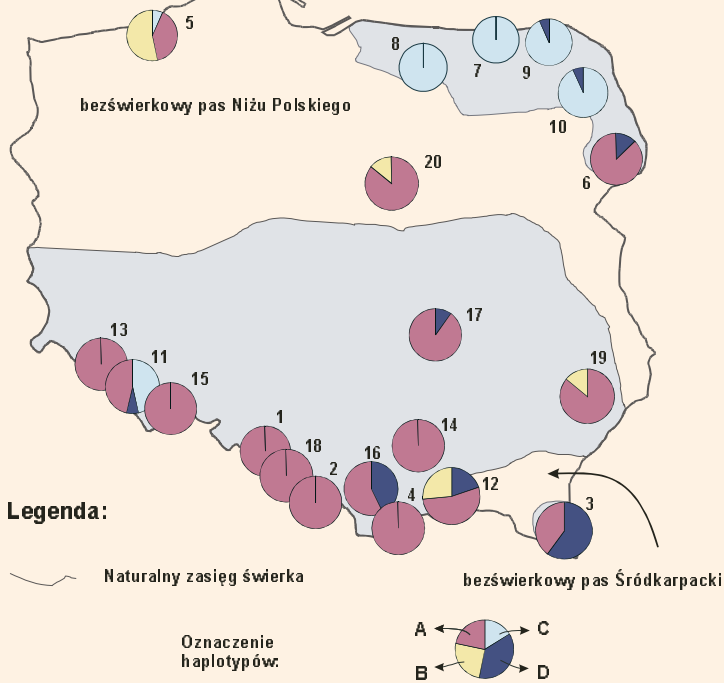


Ryc. 1. Elektroforetyczna analiza zmienności haplotypowej STS dla świerka.
 1) populacja Myślenice (Leśnictwo Sidzina, oddział 150c, region pochodzenia 851);
 2) populacja Bystrzyca Kłodzka (Leśnictwo Paszków, oddział 189f, region pochodzenia 702);
 M: marker 100pb DNA LadderPlus (MBI Fermentas); 1-15: drzewa wybrane losowo w drzewostanie.
 Literami oznaczono warianty haplotypów genu *nad1*

Zastosowanie markerów DNA mitochondrialnego, które u drzew iglastych dziedziczone jest matecznie, umożliwiło dokładniejsze prześledzenie stopnia pokrewieństwa oraz poznanie struktury genetycznej świerka z obu podzasięgów tego gatunku w Polsce.

Analizami objęto 20 drzewostanów (w średnim przedziale wieku od 79 do 166 lat), w których wytypowano losowo od 15 do 20 drzew. W badaniach zastosowano markery miejsc znaczonej sekwencyjnie (ang. STS), które u świerka identyfikują cztery warianty mitochondrialnego genu *nad1* (haplotypy „a”, „b”, „c” i „d”). Na zilustrowanych przykładowo elektroforegramach, widnieją odpowiednio: haplotyp „a” w populacji Myślenice (ryc. 1.1) oraz haplotypy „a”, „c” i „d” w populacji Bystrzyca Kłodzka (ryc. 1.2).

Najczęściej występującym haplotypem w polskich drzewostanach świerkowych jest haplotyp „a” (frekwencja występowania 64,2%), a najrzadziej występującym - haplotyp „b” (5,3%).



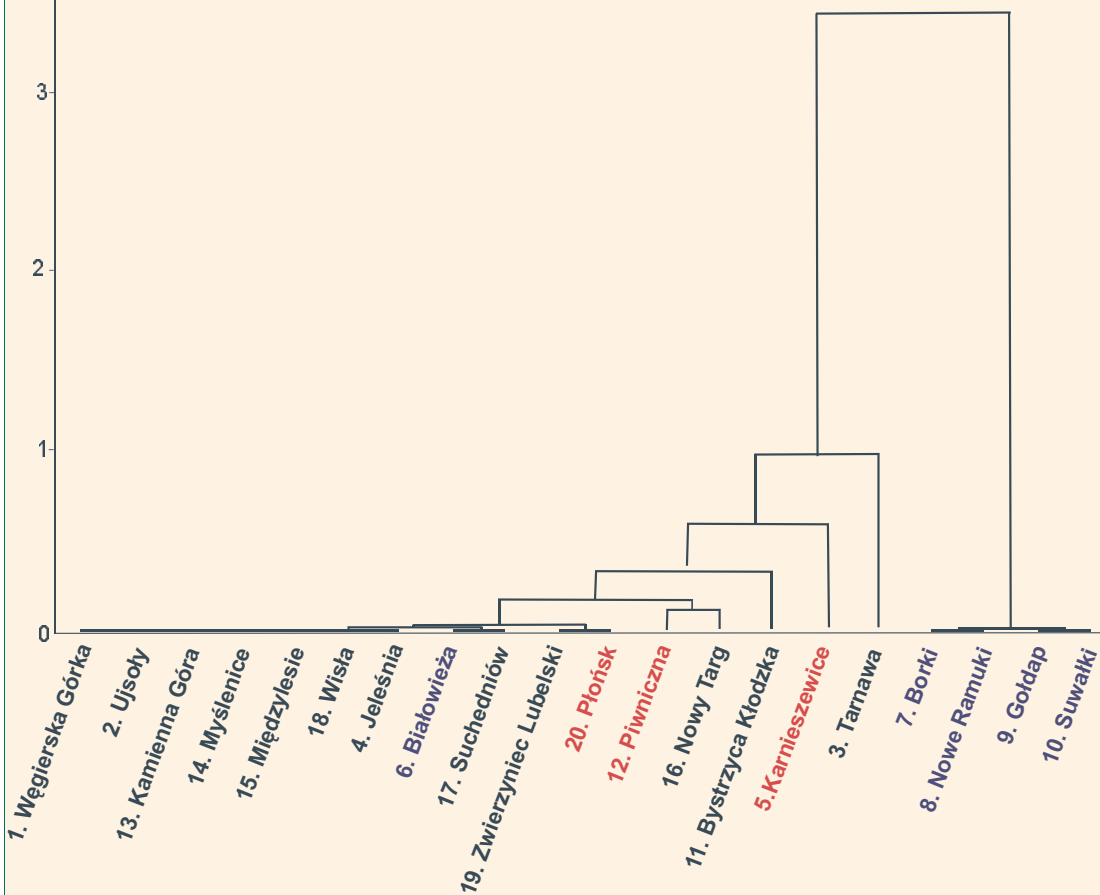
Spis populacji:

- | | | |
|---------------------|---------------------|-----------------------|
| 1 - Węgierska Górka | 8 - Borki | 15 - Międzyzlesie |
| 2 - Ujsoły | 9 - Gołdap | 16 - Nowy Targ |
| 3 - Tarnawa | 10 - Suwałki | 17 - Suchedniów |
| 4 - Jeleśnia | 11 - Byszczycza Kł. | 18 - Włstia |
| 5 - Karnieszewice | 12 - Piwniczna | 19 - Zwierzyniec Lub. |
| 6 - Białowieża | 13 - Kamienna Góra | 20 - Płońsk |
| 7 - Borki | 14 - Myślenice | |

Ryc. 2. Geograficzne rozmieszczenie frekwencji haplotypów „a”, „b”, „c” i „d” genu *nad1* w badanych populacjach świerka pospolitego

Wszystkie badane populacje świerka pospolitego cechuje wysokie zróżnicowanie haplotypów genu *nad1* ($G_{ST} = 0,529$). Największą zmienność genetyczną ($H_T = 0,544$) wykryto w populacjach położonych w pasie beźświerkowym (Karnieszewice, Piwniczna i Płońsk), co może świadczyć o wymieszaniu się na tym obszarze pul genowych z obu zasięgów. Mniejsze zróżnicowanie charakteryzuje populacje z północnego wschodu ($H_T = 0,369$), a najmniejsze ($H_T = 0,266$) – populacje z południowej Polski.

Geograficzne rozmieszczenie frekwencji występowania czterech haplotypów genu *nad1* w badanych populacjach świerka jest również zróżnicowane. Haplotyp „a” występuje z największą frekwencją w południowej, środkowej i wschodniej Polsce (ryc. 2). Haplotyp „b” charakteryzuje głównie trzy populacje beźświerkowego pasa Niżu Polskiego (Karnieszewice i Płońsk) i Śródkarpackiego (Piwniczna) oraz populację Zwierzyniec Lubelski, która leży na granicy między pasem beźświerkowym Niżu Polskiego a południowym zasięgiem świerka w Polsce. Haplotyp „c” charakteryzuje wyłącznie pochodzenia z północno-wschodniej Polski (Borki, Nowe Ramuki, Gołdap i Suwałki) oraz jedno pochodzenie z południa - Bystrzycę Kłodzką. Haplotyp „d” występuje głównie w populacjach z południowej Polski (Nowy Targ, Tarnawa i Bystrzycza Kłodzka). Niewielki udział haplotypu „d” odnotowano w populacjach ze wschodniej Polski (Gołdap, Suwałki i Białowieża) oraz w populacji Piwniczna z beźświerkowego pasa Śródkarpackiego (ryc. 2).



Ryc. 3. Dendrogram podobieństw genetycznych badanych populacji świerkowych. Czarnym drukiem wymieniono nazwy populacji z południowego zasięgu, niebieskim - z północnego zasięgu, a czerwonym - z bezświerkowego pasa Nizy Polskiego i Śródkarpackiego

Tak więc rozmieszczenie haplotypów genu *nad1* w skali kraju wykazuje wyraźny podział na populacje północno-wschodnie (o wysokiej częstości występowania haplotypu „c”), populacje pasa bezświerkowego Nizy Polskiego i Śródkarpackiego oraz populacje z pozostałych regionów Polski (z przewagą haplotypu „a”, „b” i „d”).

Dendrogram podobieństwa genetycznego, otrzymany na podstawie analizy algorytmu łańcuchów Markowa Monte Carlo (MCMC), wyraźnie odróżnia populacje przynależące do północnego zasięgu świerka w Polsce (Borki, Nowe Ramuki, Gołdap i Suwałki) od pozostałych populacji (ryc. 3). Wyjątek stanowi populacja Białowieża, która wykazuje duże podobieństwo do populacji z południowego zasięgu świerka. Według dendrogramu, populacje z tzw. pasa bezświerkowego Nizy Polskiego i Śródkarpackiego wykazują duże podobieństwo w strukturze genetycznej badanych haplotypów do pochodzeń świerka z południowej części kraju, choć cechuje je względnie duży udział haplotypu „b”, nieobecnego w pozostałych drzewostanach poza populacją Zwierzyniec Lubelski.

A zatem hipoteza, że oba zasięgi świerka, północny i południowy różnią się pod względem pul genetycznych wydaje się mieć pozytywne uzasadnienie. Oba zasięgi różnią się na podstawie mitochondrialnego DNA i prawdopodobnie spotkały się w przeszłości na poziomie Nizy Polskiego i Śródkarpackiego. Pełniejszy obraz przebiegu obu zasięgów dostarczą w najbliższym czasie podobne analizy genetyczne z krajów sąsiednich.