

Świerk w Puszczy Białowieskiej – historia zapisana w genach

Posiadając coraz doskonalsze metody biologii molekularnej, można poznać historię, pochodzenie, procesy adaptacyjne drzew leśnych, określić trasy ich przemieszczania się po okresie zlodowacenia i dzięki tej wiedzy chronić rzadkie ekotypy. Dzięki nowoczesnym metodom badawczym saga rodzimego świerka z Puszczy Białowieskiej jest pisana na nowo.

Koncepcje granic występowania gatunków leśnych – w tym świerka pospolitego – pochodzą z początków XX w. z badań profesorów Mariana Raciborskiego i Władysława Szafera. Określili oni dwa główne zasięgi występowania świerka pospolitego w Polsce – północny i południowy, oddzielone pasem bezświerkowym (dysjunkcja środkowopolska) o szerokości 50–100 km. Północny zasięg (nordycko-bałtycki) obejmuje północno-wschod-

nią część Polski, zaś południowo-zachodni (hercyńsko-karpacki) zawiera górskie obszary hercyńsko-sudecko-karpackie.

Człowiek czy natura?

Obecnie wielu badaczy przychyli się do stwierdzenia, że pas bezświerkowy powstał w wyniku działalności człowieka poprzez wylesienia na rzecz gospodarki rolnej i cykliczne pożary spowodowane wypalaniem łąk i dna lasu,

ponieważ obecność świerka na tym terenie w ostatnich tysiącleciach potwierdzają również analizy pyłkowe.

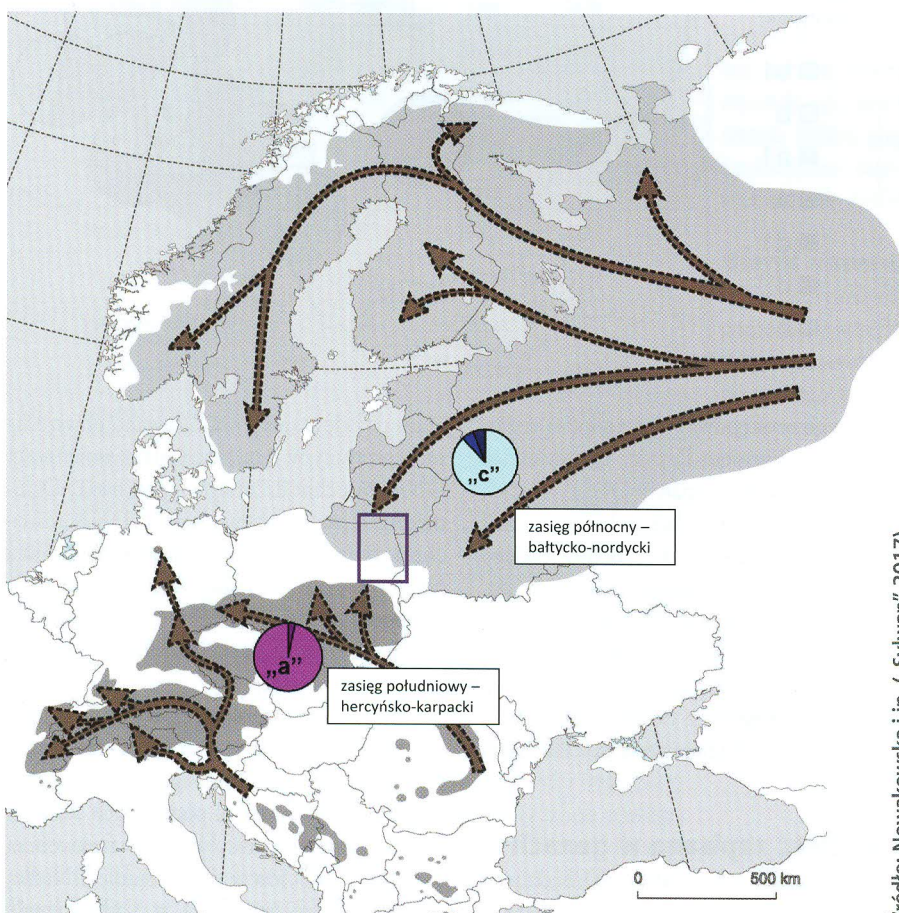
Wielowiekowa ingerencja człowieka w strukturę lasów przy stale zmieniających się warunkach przyrodniczo-klimatycznych również odegrała istotną rolę. Tym niemniej przyjmuje się, że w ramach występowania zasięgów gatunków utrwaliły się autochtoniczne populacje, najlepiej dostosowane do panujących na danym obszarze warunków klimatycznych.

Świerk pospolity jest jednym z głównych gatunków lasotwórczych w północno-wschodniej Polsce i wchodzi w skład wielu zbiorowisk leśnych Puszczy Białowieskiej. Czynnikiem sprzyjającym jego ekspansji na tym terenie była też gospodarka leśna. Od XVII w. do połowy XIX w. użytkowano Puszczy przede wszystkim w oparciu o wyręb starych sosen i dębów. Tworzyły się wówczas luki, w których następowało odnowienie świerka. W drugiej połowie XIX w. rozpoczęto użytkowanie Puszczy zrębami zupełnymi, a w latach 20. i 30. XX w. prowadzono rabunkowy wyręb lasu (I wojna światowa – okupant niemiecki i działalność spółki angielskiej „The Century European Timber Corporation” w latach 1924–29). Dodatkowo naturalne procesy przyrodnicze (głównie pożary) oraz oddziaływanie człowieka (wcześniej intensywny wypas bydła i pożary wzniecane przez bartników i pasterzy, a współcześnie zakaz wypasu i wypalania dna lasu oraz ochrona przed pożarami od XIX w.) wpłynęły na obecny kształt środowiska przyrodniczego Puszczy.

Badania struktury genetycznej

Mimo długookresowej działalności człowieka lasy Puszczy Białowieskiej, w tym szczególnie Białowieskiego Parku Narodowego, należą do najlepiej zachowanych w Europie Środkowej nizinnych lasów o charakterze naturalnym. Udział procentowy świerka w powierzchni lasów Puszczy Białowieskiej wg gatunków

Ryc. 1. Na terenie RDLP w Białymstoku spotkały się dwie główne drogi migracji świerka na tereny Polski, które charakteryzują dwie odmiany mitochondrialnego DNA: haplotyp „c” dla zasięgu północnego i haplotyp „a” dla zasięgu południowego



Źródło: Nowakowska i in. („Sylvan” 2017)

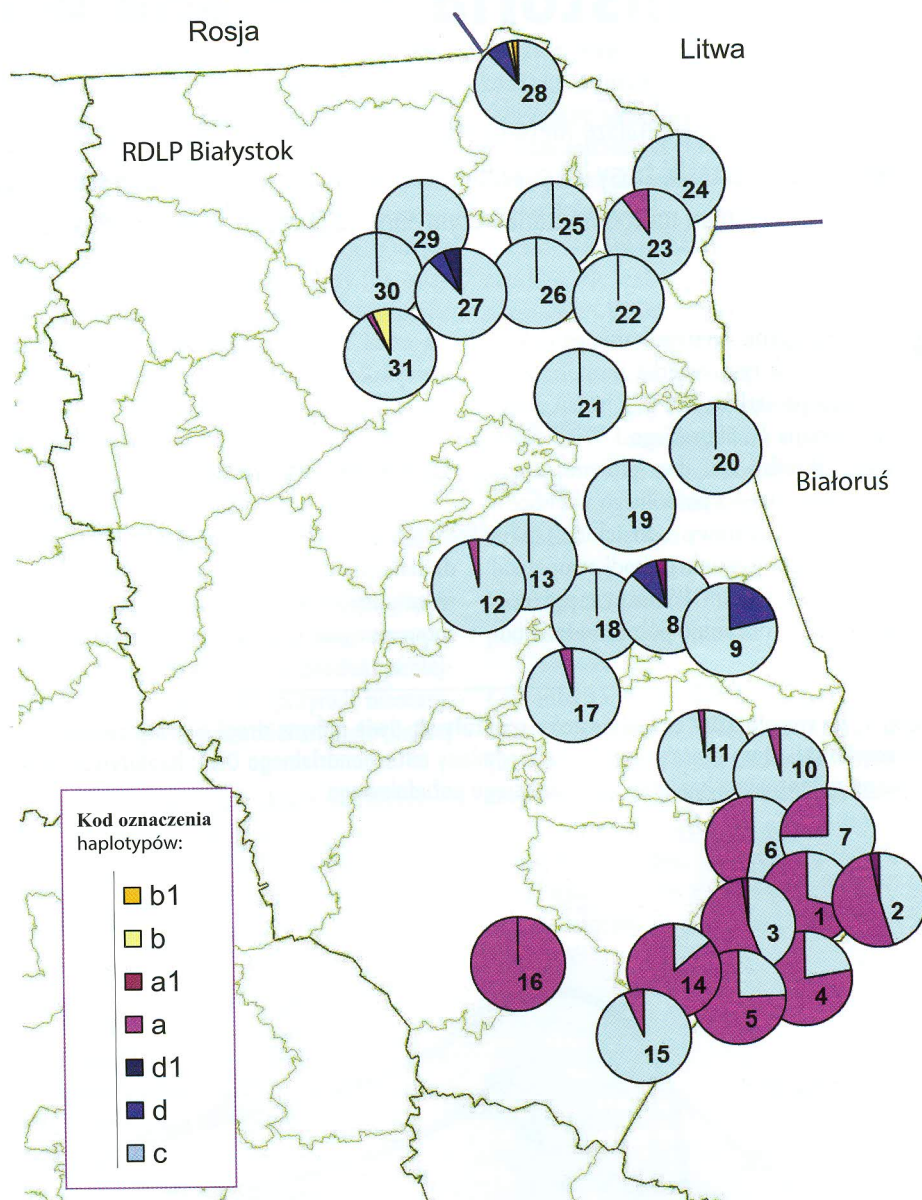
panujących podawany przez Bank Danych o Lasach wynosi 17,6% w Białowieskim Parku Narodowym, 31,2% w Nadleśnictwie Białowieża, 20,6% w Nadleśnictwie Browski i 27% w Nadleśnictwie Hajnówka. Wg prof. Eugeniusza Bernadzkiego od początku lat 30. ub. stulecia w BPN-ie rejestrowany jest proces ustępowania świerka z drzewostanów na żyznych siedliskach, głównie z powodu cyklicznie powracających gradacji kornika drukarza.

Przeprowadzone w IBL-u badania struktury genetycznej drzewostanów świerkowych na poziomie molekularnym umożliwiły poznanie historycznego pochodzenia polskich populacji gatunku na terenie Puszczy Białowieskiej w kontekście jego polodowcowej migracji.

Wcześniejsze analizy pyłkowe ukazują, że świerk pospolity przywędrował na tereny Polski z dwóch wspomnianych wyżej głównych refugium polodowcowych: północnego (nordycko-bałtyckiego) oraz południowego (hercyńsko-karpackiego). Molekularna analiza zmienności genetycznej na podstawie mitochondrialnego genu nad1 określa genetyczną strukturę badanych populacji w odniesieniu do historycznego pochodzenia z dwóch głównych ostoj polodowcowych świerka w Europie. Na podstawie analizy tego genu stwierdzono, że populacje z północy Europy charakteryzuje przewaga wariantu (haplotypu) „c” genu nad1, zaś populacje świerka z południa – przewaga wariantu „a” (ryc. 1). Wcześniejsze badania prowadzone w Instytucie Dendrologii PAN oraz Instytucie Badawczym Leśnictwa wskazywały na to, że większość świerków występujących w północno-wschodniej części Polski posiada geny wywodzące się z północnego refugium polodowcowego, a populacje świerka z południa kraju pochodzą z południowego zasięgu występowania gatunku w Europie. Im dalej na północny-wschód kraju, tym frekwencja występowania hercyńskiego haplotypu „a” w Polsce maleje, a wzrasta dominacja „północnego” haplotypu „c”.

W tym kontekście teren RDLP w Białymstoku jest ciekawym obiektem badań, gdyż znajduje się na skraju północnego zasięgu występowania świerka w Europie (wg opracowania Władysława Szafera z 1977 r.). Dotychczas przebadane pod kątem zmienności markerów DNA populacje świerka z Puszczy Białowieskiej oraz z jej pogranicza wskazywały na obecność obu typów świerków – z północnego i południowego zasięgu. Niedawno opublikowane szczegółowe wyniki badań mitochondrialnego DNA dla 31 populacji świerka pospolitego z RDLP w Białymstoku rzuciły nowe światło na przebieg granic

Ryc. 2. Geograficzne rozmieszczenie frekwencji haplotypów mitochondrialnego genu nad1 w badanych drzewostanach świerka z terenu RDLP w Białymstoku i Białowieskiego Parku Narodowego. Numery i nazwy populacji wg tabeli



północnego występowania świerka w regionie, z uwzględnieniem Puszczy Białowieskiej. Dzięki finansowemu wsparciu DGLP w latach 2007–13 badaniami objęto łącznie 1390 drzew w wieku 72–188 lat z Białowieskiego Parku Narodowego i nadleśnictw: Białowieża, Browski, Hajnówka oraz 24 innych populacji świerka położonych na terenie białostockiej dystryktu LP – od najbardziej wysuniętego na południe drzewostanu z Nadleśnictwa Bielski do drzewostanu z Nadleśnictwa Suwałki (patrz tabela).

Przeszłość zapisana w genach

W celu określenia przynależności badanych drzew do północnego lub południowego refu-

gium polodowcowego zastosowano powszechnie stosowany w tym celu marker zmienności DNA mitochondrialnego – gen nad1. Dziedziczone przez drzewo-matkę DNA mitochondrialne u drzew iglastych umożliwia odtworzenie historii danej populacji, podobnie jak porównywane są cechy dziedziczone od matek w celu odtworzenia historii danego rodu w populacji ludzkiej.

Na podstawie uzyskanych wyników badań nad świerkiem stwierdzono przeważające występowanie „południowego” wariantu genu (haplotyp „a”) w sześciu populacjach z terenu Puszczy Białowieskiej, którego frekwencja osiągnęła aż 77,5% w drzewostanie z Nadleśnictwa Białowieża, 75,5% w Nadleśnictwie

Lokalizacja i podstawowe dane drzewostanów świerkowych wybranych do analiz DNA na terenie RDLP w Białymstoku i w Białowieckim Parku Narodowym

Lp.	Nadleśnictwo, leśnictwo	Wiek (lata)	Typ siedliskowy	Typ bazy nasiennej
1.	Białowiecki PN	150	LMw, BMśw	Rez. ściśły
2.	Białowiecki PN	140	LMśw	Rez. ściśły
3.	Białowieża, Teremiski	188	Lśw	WDN
4.	Białowieża, Grudki	149	LMśw	WDN
5.	Hajnówka, Długi Bród	162	LMw	GDN
6.	Browski, Jelonka	133	LMśw	GDN
7.	Browski, Krynica	132	LMw	WDN
8.	Czarna Biał., Czarna Wieś	72	BMśw	DG
9.	Supraśl, Dworzysk	103	LMśw	DG
10.	Żednia, Kazimierzowo	100	Lśw	GDN
11.	Żednia, Sokole	113	BMw	GDN
12.	Knyszyn, Kopisk	102	LMśw	DG
13.	Knyszyn, Kopisk	87	BMśw	DG
14.	Bielski, Jodłówka	107	LMśw	GDN
15.	Bielski, Dobrowoda	94	BMw	GDN
16.	Rudka, Dołubowo	101	LMśw	DG
17.	Dojlidy, Antoniuk	94	Lśw	GDN
18.	Knyszyn, Karczmisko	100	BMśw	Rez. ściśły
19.	Czarna Biał., Szynziel	120	LMśw	GDN
20.	Czarna Biał., N. Dwór	117	LMśw	GDN
21.	Augustów, Kozi Rynek	134	LMw	GDN
22.	Płaska, Trzy Kopce	105	BMśw	GDN
23.	Głęboki Bród, Chylinki	128	BMśw	GDN
24.	Pomorze, Wiłkokuk	104	LMśw	WDN
25.	Suwałki, Płociczno	118	BMśw	GDN
26.	Suwałki, Pijawne	133	BMśw	WDN
27.	Szczebra, Koniecbór	105	LMśw	GDN
28.	Suwałki, Rutka	104	LMśw	GDN
29.	Olecko, Dąbrówka	101	LMśw	GDN
30.	Olecko, Gąski	105	Lśw	GDN
31.	Ełk, Dąbrowskie	111	Lśw	GDN

Hajnówka i 70,8% w populacji z Rezerwatu Ścisłego Białowieckiego Parku Narodowego. „Północny” haplotyp „c” występował z frekwencją poniżej 46%. Dużą frekwencją haplotypu „a” stwierdzono również w drzewostanach położonych w sąsiedztwie Puszczy Białowieckiej na południu RDLP w Białymstoku; 86,0% w populacji z Nadleśnictwa Bielski i 100% w populacji z Nadleśnictwa Rudka (ryc. 2). Pozostałe

populacje świerka z białostockiej dysekcji charakteryzowało głównie występowanie nordyckiego haplotypu „c” (75–100%). Dwie populacje świerka miały niewielką domieszkę haplotypu „b” (Suwałki – nr 28 i Ełk – nr 31), zaś cztery populacje zawierały haplotyp „d” (Czarna Białostocka – nr 8, Supraśl – nr 9, Szczebra – nr 27 i Suwałki – nr 28). We wszystkich badanych populacjach z RDLP w Białymstoku najczęstszym haplotypem genu nad1 był haplotyp „c” (frekwencja 77,7%), zaś haplotyp „a” występował z ogólną frekwencją 20,0%. Ogólnie, spośród 31 badanych, 24 drzewostany świerkowe charakteryzuje duża, ponad 50% frekwencja północnego haplotypu „c”. Rozmieszczenie populacji świerka z przewagą haplotypu „c” występuje w obrębie granicy północnego zasięgu gatunku, wyznaczonej przez Szafera w ub. stuleciu. W przeciwieństwie do opracowań Szafera z 1953 i 1977 r. większość drzew badanych populacji z Puszczy Białowieckiej (oraz dwóch populacji sąsiadujących z Puszcza) okazało się mieć historyczne korzenie wywodzące się z południowego, hercyńsko-karpackiego zasięgu świerka w Europie.

Można zatem przypuszczać, że w regionie Puszczy Białowieckiej oba zasięgi, północny i południowy, spotkały się w przeszłości, co potwierdza obecność obu wariantów haplotypów „a” i „c” mitochondrialnego genu nad1. Występowanie haplotypu „a” w świerkach z rezerwatu ściśłego w parku narodowym, gdzie była najmniejsza ingerencja gospodarki człowieka w przeszłości, oraz w Puszczy Białowieckiej po stronie białoruskiej (w Rezerwacie Kamieniuki) wydaje się potwierdzać tę tezę. Jednak nie można wykluczyć ingerencji człowieka w obecny skład genotypowy świerka na terenie Puszczy (pierwsza połowa XX w.), np. przez sprowadzanie materiału rozmnożeniowego obcego pochodzenia.

Na podstawie szczegółowych badań z zakresu paleobotaniki, biologii molekularnej, hodowli lasu, ekologii, klimatologii można stwierdzić, że na obecne występowanie świerka pospolitego w Polsce w ramach granic tzw. naturalnych zasięgów wg Szafera wpłynęły przede wszystkim takie czynniki jak: historyczne drogi migracji polodowcowej gatunków na terenie Polski, gospodarka rolna i leśna, rozwój przemysłu oraz konkurencyjność poszczególnych gatunków, powodujących ich eliminację z niektórych siedlisk.

Bierni obserwatorzy

W świetle nowych badań, opartych na markerach zmienności DNA, gospodarka leśna uzyskała nowe narzędzie, pomocne w podejmowaniu działań ukierunkowanych na ochronę zmienności genetycznej świerka pospolitego w Puszczy Białowieckiej.

Obecnie te przystosowane przez tysiąclecia do lokalnych warunków populacje unikatowego świerka, który przywędrował w poprzednich tysiącleciach w okolice Białowieży aż z Karpat, są dziesiątkowane przez gradację kornika drukarza. Ochrona czynna tych unikatowych świerków, charakteryzujących się dominacją haplotypu „a”, na terenie Puszczy Białowieckiej nie jest możliwa. Część tych drzewostanów już nie istnieje. Wcześniej człowiek poprzez działalność rolniczą zlikwidował ciągłość występowania świerka w środkowej Polsce, tworząc pas bezświerkowy, obecnie za pomocą ochrony biernej przygląda się, jak na terenie Puszczy Białowieckiej zamierają niepowtarzalne, miejscowe drzewostany świerkowe pochodzenia hercyńsko-karpackiego.



Justyna A. Nowakowska

(Laboratorium Biologii Molekularnej, IBL)

Jan Łukaszewicz

(Zakład Hodowli i Genetyki Drzew Leśnych, IBL)