

Popularnonaukowe streszczenie projektu

Sosna zwyczajna jest jednym z najważniejszych drzew świata, zarówno pod względem ekologicznym, jak i ekonomicznym. Tworzy bory sosnowe, a z innymi gatunkami także lasy mieszane. Rośnie na niżu oraz na terenach górskich. Cechuje się największym zasięgiem spośród wszystkich drzew szpilkowych, sięgającym na północy od koła podbiegunowego do Hiszpanii i Turcji na południu oraz od Szkocji aż do wschodniej części Syberii. Zmienność genetyczna sosny zwyczajnej jest przedmiotem wielu badań. Są one niezmiernie ważne dla określenia zmienności w obrębie gatunku, zarówno tej wynikającej z procesów historycznych, np. migracji po ostatnim zlodowaceniu czy zmian zasięgów poszczególnych populacji, jak i procesów adaptacyjnych, prowadzących do powstania różnic między populacjami żyjącymi w odmiennych warunkach środowiska. Dotychczasowe badania pozwoliły na częściowe wyjaśnienie pochodzenia sosny zwyczajnej w Europie. Jednak zmienność populacji azjatyckich jest słabo poznana.

Celem projektu jest poznanie zmienności genetycznej niezbadanych dotąd populacji sosny zwyczajnej z terenów Europy Wschodniej i Azji oraz określenie wzajemnych relacji genetycznych między populacjami azjatyckimi i europejskimi. Poza tym, projekt ma na celu weryfikację hipotez dotyczących pochodzenia sosny zwyczajnej w Europie Środkowej i Fennoskandii. Badania sugerują, że sosna zwyczajna w tych rejonach może pochodzić z Półwyspu Bałkańskiego i/lub z Europy Wschodniej lub Azji. Hipoteza alternatywna zakłada, że sosna zwyczajna w Europie Środkowej i na Bałkanach pochodzi z południowej Syberii.

W projekcie zostaną wykorzystane fragmenty mitochondrialnego i jądrowego DNA jako efektywne markery umożliwiające dokładną charakterystykę zmienności genetycznej badanych populacji. Markery te pozwolą także na określenie wzajemnych relacji genetycznych między sosną zwyczajną w Azji i Europie. Przebadanych zostanie kilkadziesiąt populacji sosny zwyczajnej z rejonów Azji, Europy Wschodniej, Bałkanów, Europy Środkowej i Fennoskandii. Prezentowany projekt jest nowatorski w zakresie wykorzystania niezbadanych dotąd populacji azjatyckich i wschodnioeuropejskich oraz nowych zasobów genomowych i nowoczesnych metod sekwencjonowania DNA. Przeprowadzone badania pozwolą na uzupełnienie dotychczasowej wiedzy na temat zmienności genetycznej i pochodzenia sosny zwyczajnej w Europie i Azji, istotnie przyczyniając się do rozwoju genetyki populacyjnej drzew leśnych. Wiedza ta jest niezbędną dla przeprowadzenia dalszych badań związanych z przystosowaniem poszczególnych populacji do lokalnych warunków środowiska, co jest niezmiernie ważne w świetle postępujących zmian klimatycznych.