



Zastosowanie badań molekularnych w ochronie zasobów genowych wybranych gatunków drzew leśnych

Utilisation of molecular studies in the conservation of genetic resources of selected forest tree species

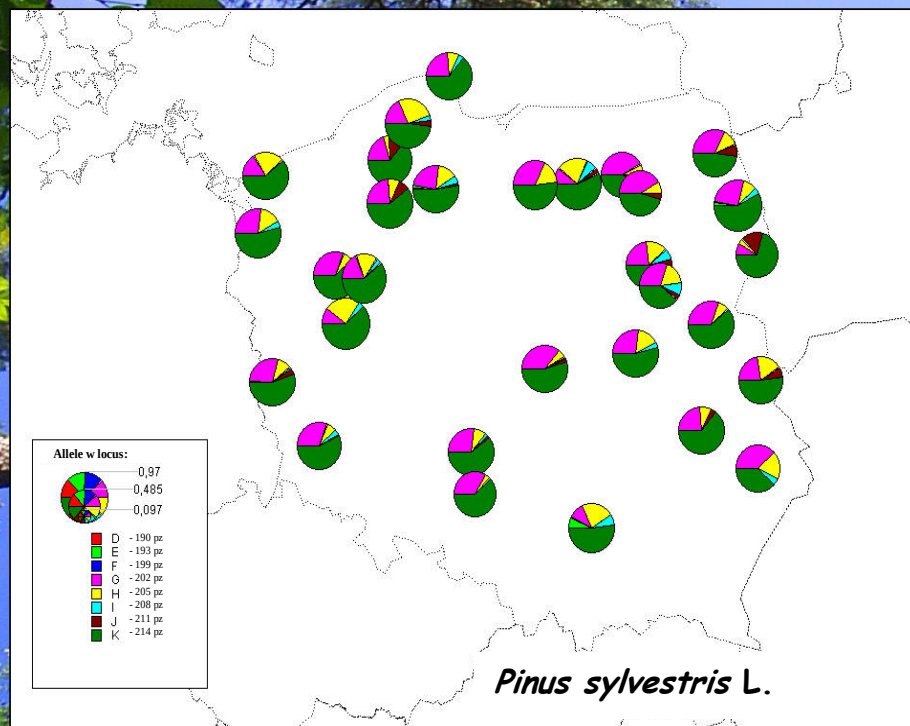


Małgorzata K. Sułkowska*,
Justyna A. Nowakowska,
Anna Tereba

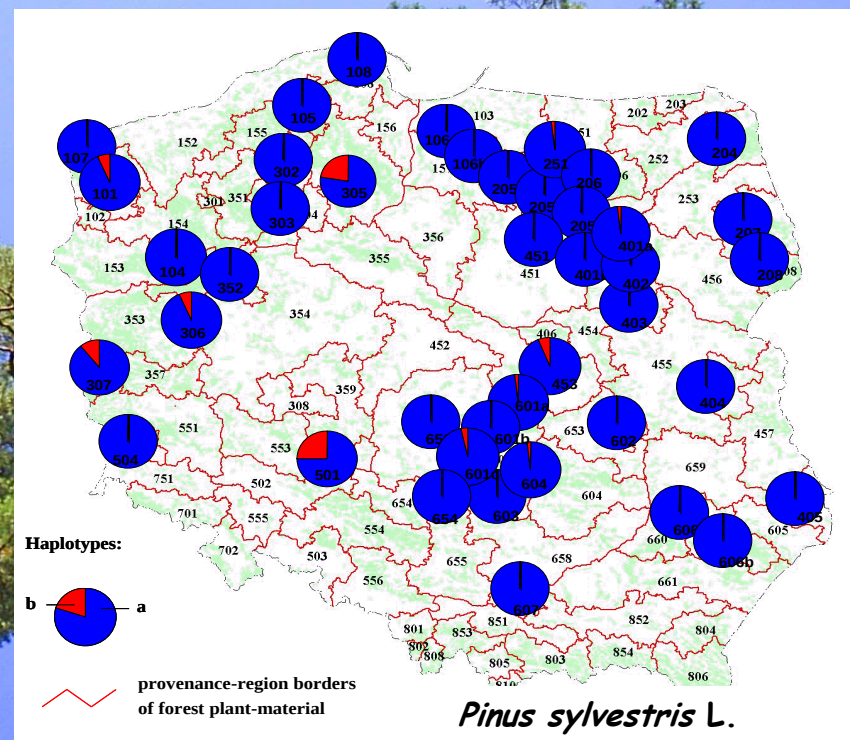
Zmienność genetyczna organizmów jest jednym z kluczowych elementów gwarantujących przeżywalność i adaptację gatunku do warunków środowiska, zaś poznanie struktury genomów i polimorfizmu DNA, jest pierwszym krokiem zagwarantowania ochrony ich puli genetycznej.

Określenie struktury genetycznej drzewostanów sosny i świerka, w wybranych regionach pochodzenia, z weryfikacją granic regionów po uwzględnieniu zróżnicowania genetycznego populacji, wykazało istnienie w Polsce populacji, których poziom zróżnicowania genetycznego wyjaśnia transport nasion obcego pochodzenia z poza terytorium kraju.

Weryfikacja granic regionów pochodzenia sosny zwyczajnej: nr 207, 302, 504 i 606 na podstawie markerów DNA jądrowego (SSR) i mitochondrialnego (STS) wykazała: 71% zgodności z 20 regionami sąsiednimi oraz 29% niezgodności z 8 regionami sąsiednimi.

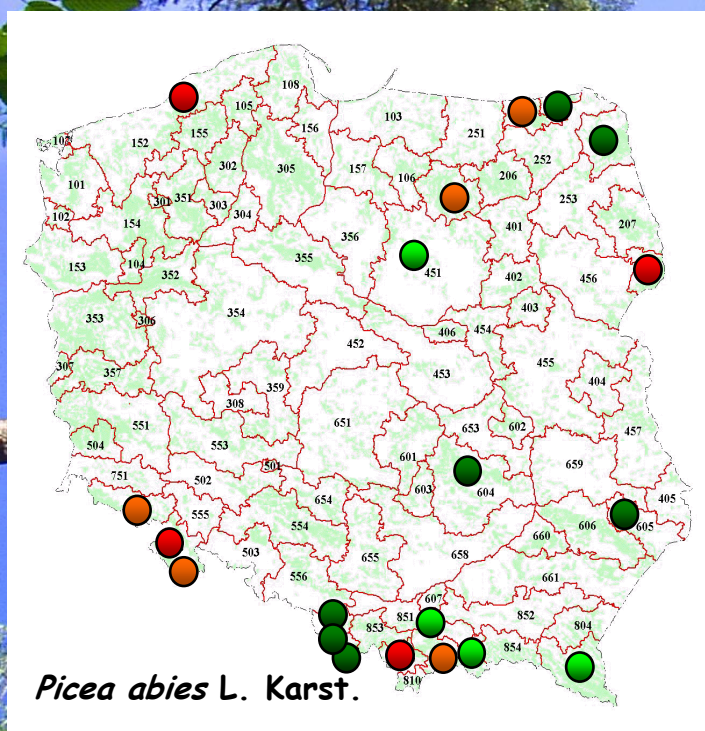


Nowakowska, rozpr. habi. (2007)

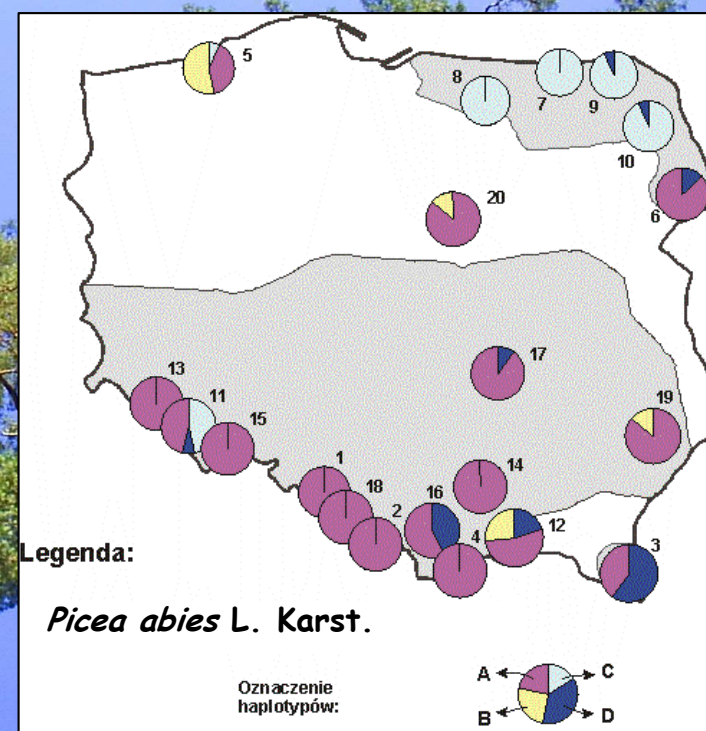


Nowakowska, rozpr. habi. (2007)

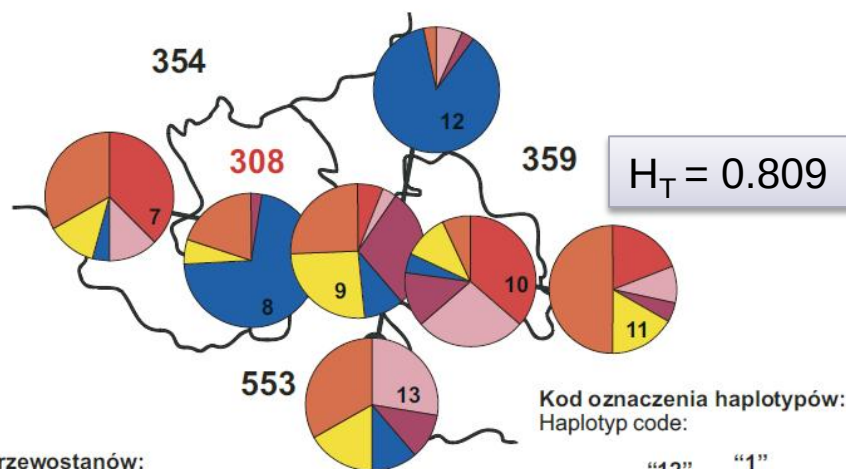
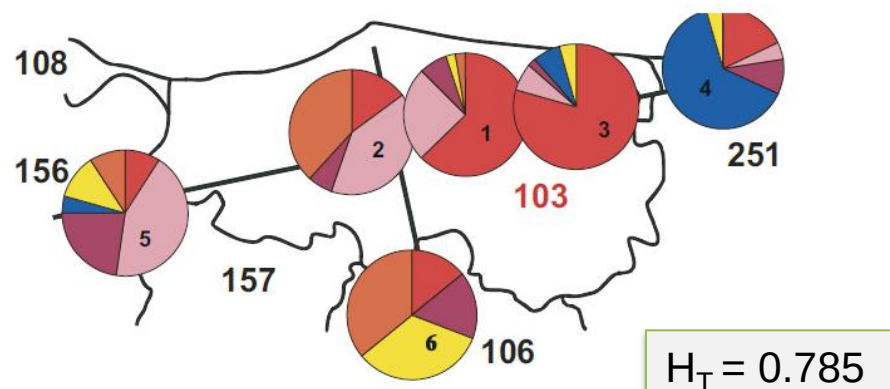
Weryfikacja granic regionów pochodzenia świerka pospolitego: 204, 208, 802 i 702 na podstawie markerów DNA jądrowego (SSR) i mitochondrialnego (STS) wykazała: 72% zgodności z 23 regionami sąsiednimi oraz 28% niezgodności z 9 regionami sąsiednimi.



Nowakowska, Dendrobiology 61 (2009)



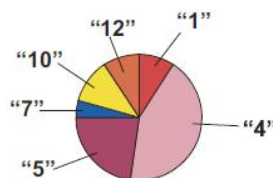
Nowakowska, Dendrobiology 61 (2009)



Spis drzewostanów:
Oak stands:

1 - Orneta, 2 - Młynary, 3 - Zaporowo, 4 - Górowo Ił.,
5 - Starogard, 6 - Dobrocin, 7 - Piaski, 8 - Karczmia B.,
9 - Krotoszyn-1, 10 - Krotoszyn-2, 11 - Taczanów,
12 - Jarocin, 13 - Milicz

Kod oznaczenia haplotypów:
Haplotype code:



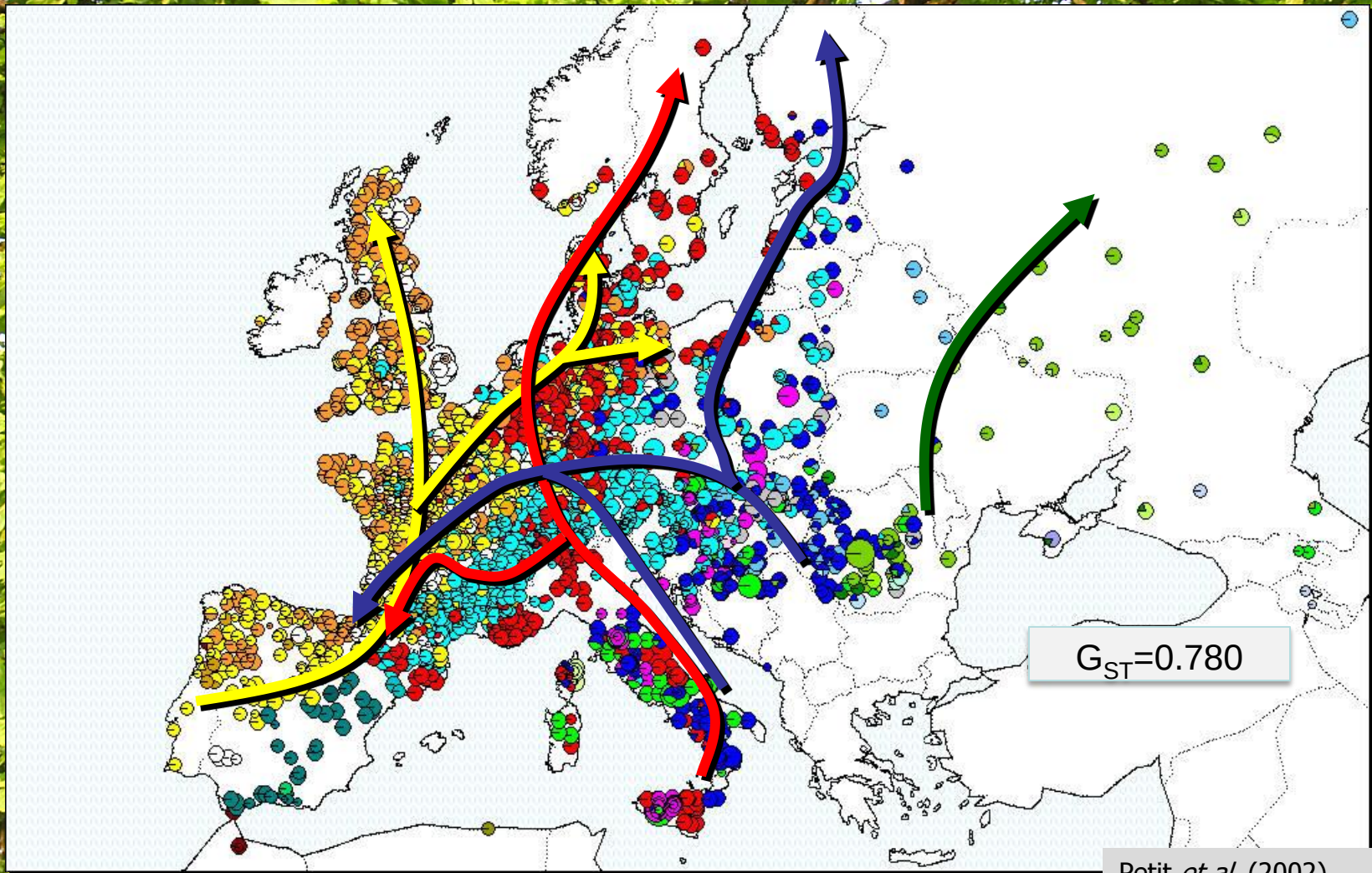
Weryfikacja granic regionów
matecznych dębu szypułkowego.
Drzewostany dębu elbląskiego w
większości przynależą do grupy
refugium z Półwyspu Apenińskiego
(**haplotyp „1”**).

Populacje dębu krotoszyńskiego w
większości przynależą do refugium
Półwyspu Bałkańskiego (**haplotyp „7”**)
i Iberyjskiego (**„10” i „12”**).

Nowakowska i in., Leś. Pr. Badawcze 3 (2007)

Ryc. 1. Frekwencja haplotypów chloroplastowego locus „DT” w badanych populacjach dębowych

Drogi migracji polodowcowej gatunków dębu w Europie



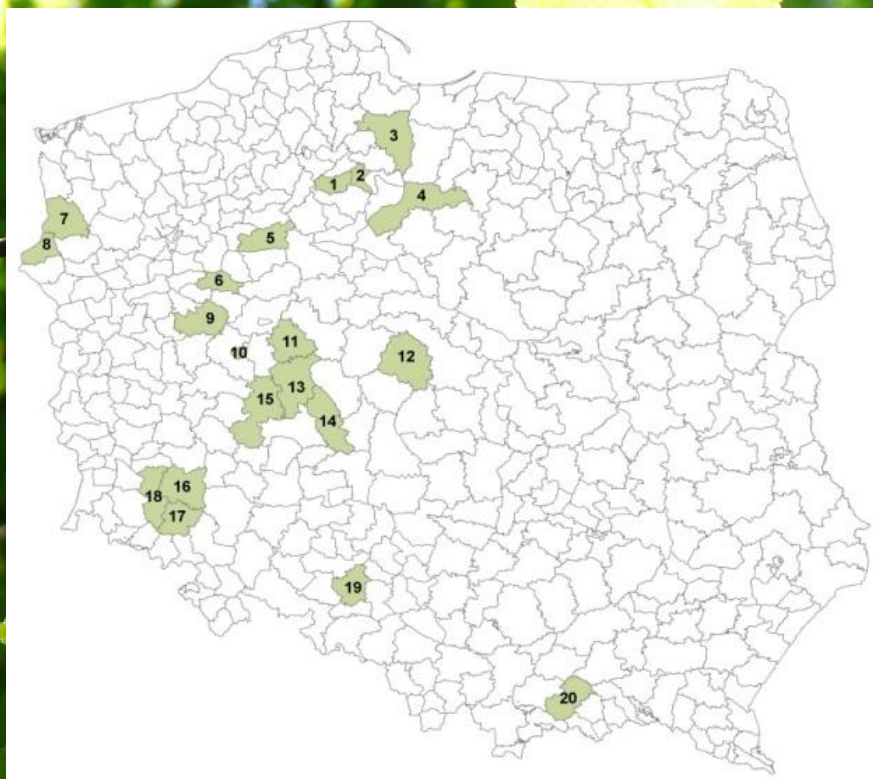
Petit *et al.* (2002)

Analizy DNA jarzębu brekinii w Polsce w celu oceny ich zmienności genetycznej

Jarzáb brekinia na terenie Polski osiąga północno-wschodnią granicę naturalnego zasięgu i jego stanowiska są rozproszone. W kraju podlega całkowitej ochronie. Wymaga żyznych, nasłonecznionych gleb zasadowych. Jest to gatunek światłożądny. Występuje w mieszanych lasach liściastych zwłaszcza dębowo-grabowych, bukowo-dębowo-grabowych, dębowych i bukowych.



Analizowane populacje jarzębu brekinii



Tuchola, 2. Osie, 3. Starogard, 4. Jamy, 5. Kaczory, 6. Goraj, 7. Gryfino, 8. Bieleń, 9. Bytów, 10. Wielkopolski PN, 11. Promno, 12. Koło, 13. Potarzyca, 14. Taczanów, 15. Piaski, 16. Legnica, 17. Jawor, 18. Złotoryja, 19. Strzelce Opolskie, 20. Białowodzka Góra

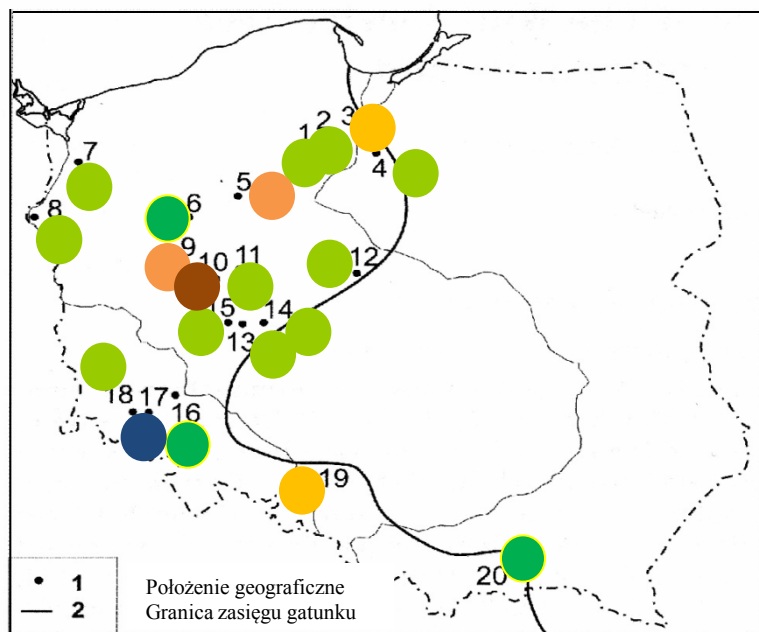
Wybór populacji do badań: BEDNORZ L. (2004): Rozmieszczenie i zasoby *Sorbus torminalis* (Rosaceae: Maloideae) w Polsce. *Fragm. Flor. Geobot. Polonica* 11: 105-121

BEDNORZ L., MYCZKO Ł., KOSIŃSKI P. (2004): Isozyme polymorphism and genetic structure of the population of *Sorbus torminalis* (L.) Crantz from the Bytów Forest (Poland). *J. Appl. Genet.* 45, 3: 321-324

BEDNORZ L. (2007): Conservation of genetic resources of *Sorbus torminalis* in Poland. *Dendrobiology* 58: 3-7

0.3516 0.0850 0.0065 0

Analizy DNA chloroplastowego jarzębu brekinii w Polsce w celu oceny ich zmienności genetycznej, przeprowadzone zostały z zastosowaniem starterów genów: *trnH* i *trnK1*, *trnK2*, *trnSa* i *trnfM* nie umożliwiając wydzielenia regionów geograficznych.

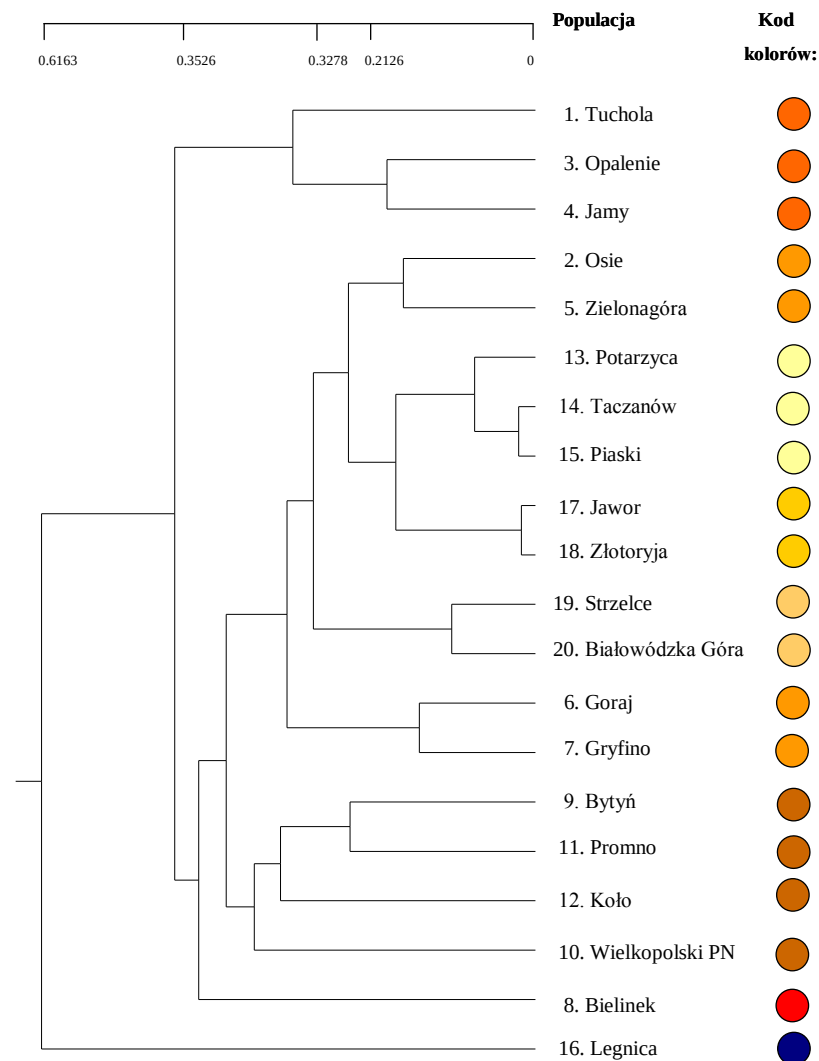
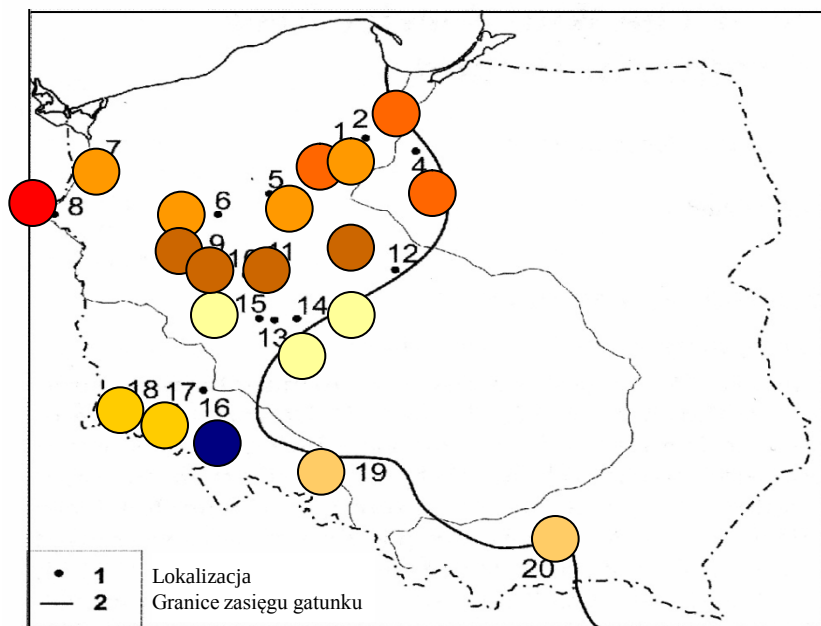


Populacja

Kod kolorów:

- | | |
|----------------------|---|
| 1. Tuchola | ● |
| 2. Osie | ● |
| 4. Jamy | ● |
| 7. Gryfino | ● |
| 8. Bielinek | ● |
| 11. Promno | ● |
| 12. Koło | ● |
| 13. Potarzyca | ● |
| 14. Taczanów | ● |
| 15. Piaski | ● |
| 18. Złotoryja | ● |
| 6. Goraj | ● |
| 16. Legnica | ● |
| 20. Białowódzka Góra | ● |
| 3. Opalenie | ● |
| 19. Strzelce | ● |
| 5. Zielonagóra | ● |
| 9. Bytyń | ● |
| 10. Wielkopolski PN | ● |
| 17. Jawor | ● |

Populacje jarzębu brekinii w Polsce analizowano w celu oceny ich zmienności genetycznej przy użyciu mikrosatelitarnych markerów jądrowych: SSR: *mss1*, *mss5*, *mss6*, *mss9*, *mss13*, *mss16*. Wyróżniono 3 grupy populacji: Polska Północna, Wielkopolska, Polska Południowa.





Dziękuję Państwu za uwagę !

