Uprawa testująca wzrost potomstwa drzew doborowych sosny zwyczajnej, Nadleśnictwo Kalisz Pomorski

Genetyka w służbie lasom

Upłynęło niemal 20 lat odkąd pojawiła się idea selekcji genomowej bazującej na markerach genetycznych w celu przewidywania cech ważnych z punktu widzenia hodowców. W tym czasie metody selekcji genomowej rozwinęły się na tyle, że zrewolucjonizowały hodowlę bydła, stając się coraz bardziej popularne także w uprawie roślin.

Fot. Roman Rożkowski (2)

Pierwsze próby wykorzystania tej techniki w przypadku drzew dowiodły, że może ona istotnie wspomóc klasyczne sposoby hodowli, a my zyskamy nie tylko czas, ale także możliwość selekcji na skalę do tej pory nieosiągalną. W dobie zmian klimatycznych i nieustającego rozwoju ekonomicznego selekcja genomowa ma potencjał, aby stać się realną pomocą w podejmowaniu szybkich i trafnych decyzji hodowlanych.

Pojęcie selekcji genomowej

Gdyby cechy przyrostowe drzew warunkowane były przez jeden, względnie kilka genów, prawdopodobnie już dawno hodowalibyśmy drzewa o najwyższej jakości. Tak niestety nie jest, co znacznie utrudnia nam wyselekcjonowanie najlepszych osobników na wczesnym etapie ich rozwoju, gdyż cechy wzrostowe i jakościowe ujawniają się znacznie później. Nadrzędnym celem hodowli drzew leśnych jest wytypowanie drzew o pożądanej wartości hodowlanej poprzez powtarzające się cykle selekcji, krzyżowania i testowania potomstwa, co trwa często kilkanaście, a nawet kilkadziesiąt lat. Czas ten może ulec znacznemu skróceniu przy zastosowaniu selekcji genomowej. Dynamiczny rozwój genomiki w ostatnich dekadach umożliwił identyfikację wielu tysięcy markerów genetycznych, z których część jest powiązana z cechami jakościowymi, jak np. cechy drewna. Wykorzystanie markerów genetycznych pozwala na selekcję osobników o pożądanych cechach jakościowych już w stadium siewki jedynie w oparciu o analizę genetyczną. Selekcjonujemy więc drzewa tylko na podstawie ich genotypu, czyli zestawu genów, a nie fenotypu, czyli cech zewnętrznych, skracając tym samym do minimum czas wymagany do wyboru odpowiedniego materiału sadzeniowego.

Czego potrzebujemy?

Selekcja genomowa wymaga przede wszystkim posiadania zestawu wielu tysięcy odpowiednich markerów genetycznych. Są nimi zmiany, czyli mutacje w pojedynczych „cegiełkach", z których zbudowany jest materiał genetyczny – DNA wszystkich organizmów. Mówimy wtedy o platformach bądź chipach do genotypowania – gotowych płytkach z naniesionymi fragmentami DNA, które poprzez odpowiednią analizę umożliwiają określenie, jakie mutacje ma dane drzewo. Takie platformy opracowano już m.in. dla sosen, topoli czy jesionów, a ich dostępność dla innych gatunków jest jedynie kwestią czasu.

Otrzymane dane genetyczne są następnie wykorzystywane w modelu przewidującym określoną cechę fenotypową. Stworzenie modelu stosowanego w selekcji genomowej możliwe jest w oparciu o zbadanie tzw. populacji testowej. Składa się ona z co najmniej 1 000 do 2 tys. osobników, które są analizowane pod kątem genotypu i fenotypu poprzez wykorzystanie omawianych już markerów genetycznych i opisanie cech jakościowych drzew, w kierunku których będziemy prowadzili selekcję. Taką populację może stanowić populacja hodowlana pierwszej generacji, czyli potomstwo drzew matecznych z krzyżówek kontrolowanych bądź z wolnego zapylenia. Opracowany w ten sposób model jest sprawdzany w tzw. populacji weryfikującej. Składają się na nią losowo wybrane osobniki, które nie weszły w skład populacji testowej.

Podsumowując, aby móc skorzystać z selekcji genomowej, potrzebujemy platformy do genotypowania oraz populacji hodowlanej o znanym pochodzeniu (doświadczenie rodowe) i zmierzonych cechach jakościowych, z której wybierzemy osobniki stanowiące populację testową i weryfikującą. Model musimy opracować osobno dla każdej z badanych cech.

Problemy

Podstawowym problemem związanym z selekcją genomową jest dostępność odpowiedniego doświadczenia testującego potomstwo drzew leśnych, z którego wybierzemy populację testową i weryfikującą. Założenie i utrzymanie takiego doświadczenia jest bowiem zarówno kosztowne, jak i czasochłonne. Wymaga także przeznaczonej do tego celu powierzchni. Należy uwzględnić koszty związane z samym pomiarem cech fenotypowych – są one mierzone zwykle w wieku od kilku do kilkunastu lat z założeniem, że będą odzwierciedlały tendencje u osobników dojrzałych (w wieku 20–50 lat). Nie do przecenienia są zatem liczne powierzchnie doświadczalne zakładane przez dziesiątki lat na terenie Lasów Państwowych, które stanowią idealną bazę dla przetestowania skuteczności selekcji genomowej dla gatunków o dużym znaczeniu ekonomicznym w Polsce.

Kolejną trudność stanowi oddziaływanie między genotypem a środowiskiem (interakcja G×E). Problem jest jednak typowy również w przypadku konwencjonalnych metod hodowli drzew leśnych. W celu zminimalizowania wpływu tego oddziaływania na efektywność selekcji genomowej należy zadbać o to, aby warunki środowiska, w jakich rośnie docelowo badana przez nas populacja, były jak najbardziej podobne do warunków, w jakich rośnie populacja testowa. Wykazano jednak, że zwiększenie liczebności populacji testowej znacząco ogranicza problem generowany przez interakcję G×E.

Jako że koncepcja selekcji genomowej zakłada wybranie populacji testowej i we-

ryfikującej spośród osobników tego samego pokolenia, nasuwa się pytanie, czy metoda będzie tak samo skuteczna w kolejnych pokoleniach. Jak dotąd jedynie nieliczne badania skupiły się na tym zagadnieniu. Na ich podstawie, a także w oparciu o przeprowadzone symulacje komputerowe, stwierdzono, że należy aktualizować model opracowany z wykorzystaniem populacji testowej o dane dla dorosłych już osobników, które zostały wybrane w oparciu o metody selekcji genomowej.

Kwestia utrzymania zmienności genetycznej

Naturalne populacje drzew leśnych krzyżują się swobodnie, utrzymując tym samym wysoki poziom zmienności genetycznej. Selekcja osobników o najlepszych cechach jakościowych budzi uzasadnione obawy związane z obniżeniem zmienności genetycznej wraz z jej kolejnymi cyklami. Niepokoi nas przede wszystkim potencjalnie niższa zdolność dostosowania takich populacji w obliczu szybko postępujących zmian klimatycznych. Uważamy jednak, że populacje hodowlane z założenia stanowią jedynie pewien fragment pierwotnej populacji naturalnej. Zmniejszenie zmienności genetycznej wynika wprost z założeń hodowli selekcyjnej, jest tym samym nieodzowne. Monitoring poziomu zmienności genetycznej populacji hodowlanych jest jak najbardziej wskazany, jednak powinniśmy skupić się na zachowaniu tej zmienności w populacjach naturalnych, drzewostanach zachowawczych oraz wyłączonych i gospodarczych drzewostanach nasiennych.

Sukcesy selekcji genomowej

W ostatnich latach przeprowadzono szereg badań nad selekcją genomową u drzew, potwierdzających wysoką skuteczność tej metody. W znakomitej większości przypadków korelacja między obserwowaną, a oczekiwaną na podstawie modelu wartością hodowlaną sięgała nawet 70–80%. Otrzymane wyniki dorównywały tym uzyskanym przy pomocy tradycyjnych metod hodowli selekcyjnej, a często je przewyższały. Pierwsze badania dotyczyły eukaliptusów w doświadczeniach rodowych w Brazylii, a analizowane cechy obejmowały wysokość, pierśnicę, względną gęstość drewna oraz ilość masy celulozowej. Efektywność opracowanego modelu wahała się w granicach 55–88%, w zależności od badanej cechy. W przypadku sosen i świerków, dotychczasowe badania skupiały się na gatunkach rosnących w Ameryce Północnej (sosna taeda, kalifornijska i wydmowa oraz świerk biały), dając obiecujące rezultaty. W Europie testowano głównie sosnę nadmorską oraz zwyczajną, a także świerka pospolitego. W przypadku sosny zwyczajnej przeanalizowano ponad 700 osobników reprezentujących 183 rody z doświadczenia założonego w 1971 r. w Szwecji. W tym przypadku efektywność metody nie była tak wysoka (25–45%). Wykazano natomiast, że dzięki zastosowaniu selekcji genomowej można skrócić cykl hodowlany sosny zwyczajnej aż o połowę, otrzymując ostatecznie wyniki lepsze niż w przypadku selekcji konwencjonalnej w przeliczeniu na każdy rok hodowli. Realną możliwość skrócenia cyklu hodowlanego przy wykorzystaniu selekcji genomowej udowodniono także dla świerka pospolitego.

Podsumowanie

Rozwój genomiki otwiera nowe drzwi przed hodowcami drzew leśnych. Selekcja genomowa wydaje się znakomitym remedium na problem długoletnich cykli hodowlanych drzew leśnych. Udowadniają to liczne badania na coraz większej liczbie gatunków. Wykorzystanie selekcji genomowej pozwala na zysk nie tylko w postaci czasu, ale także na równoczesną selekcję wielu tysięcy osobników pod kątem różnych cech jakościowych w skali praktycznie nieosiągalnej przy pomocy klasycznych metod hodowli.

Niewątpliwie selekcja genomowa drzew leśnych wymaga szeregu udoskonaleń. Rosnące zasoby danych genetycznych wymuszają opracowanie narzędzi do ich przetwarzania. Potrzebujemy populacji składających się z odpowiedniej liczby spokrewnionych osobników o znanym pochodzeniu, których cechy fenotypowe będą bardzo dobrze opisane. Selekcja genomowa nie eliminuje problemu z interakcją G×E. Wątpliwości budzi także efektywność tej metody w selekcji kolejnych pokoleń drzew. Nie zmienia to jednak faktu, że obecnie nie jesteśmy w stanie przyspieszyć cyklu hodowlanego w żaden inny sposób, nie tracąc przy tym zysku w postaci zwiększenia jakości i produktywności surowca drzewnego.

Do tej pory nie prowadzono w Polsce żadnych badań nad wykorzystaniem metod selekcji genomowej w przypadku drzew leśnych, pomimo odpowiedniego zaplecza technicznego i licznych powierzchni doświadczalnych. Do przeprowadzenia wstępnych testów mogą posłużyć np. plantacyjne uprawy nasienne bądź powierzchnie testujące potomstwo wyłączonych drzewostanów nasiennych i plantacji nasiennych, które mogą być traktowane jak opisana wcześniej populacja testowa. Należy pamiętać, że selekcja genomowa nie ma na celu zastąpienia klasycznych metod hodowli, ale ma je wspomóc poprzez umożliwienie podejmowania szybkich i słusznych decyzji hodowlanych, zapewniając jednocześnie pełne wykorzystanie potencjału tkwiącego w założonych wcześniej powierzchniach doświadczalnych.

Weronika Barbara Żukowska,
Błażej Wójkiewicz,
Andrzej Lewandowski
Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk

Doświadczenie proweniencyjno-rodowe świerka zwyczajnego, Nadleśnictwo Nowy Targ