

Sosna zwyczajna jest jednym z najważniejszych gatunków drzew leśnych o dużym znaczeniu ekologicznym, gospodarczym i społecznym w Europie i Azji. W Polsce jest głównym gatunkiem użytkowym porastającym ponad 5,5 miliona hektarów i stanowiącym największy zasób drzewny na pniu (ponad 60% całkowitej grubizny) spośród wszystkich innych gatunków drzew leśnych. Populacje tego gatunku z różnych środowisk wykazują szczególne cechy dziedzicznej zmienności fenotypowej i fizjologicznej, tworząc tak zwane „lokalne ekotypy” najlepiej dostosowane do danych warunków środowiskowych. Wyróżniono w Polsce szereg dobrze zdefiniowanych ekotypów sosny zwyczajnej, do których zalicza się m.in. sosnę bolewicką, rychtańską, gubińską, taborską, piską, białowieską, augustowską i inne. Prognozy zmian klimatu wskazują, że lokalne ekotypy będą cierpieć z powodu ich niedostosowania do zmienionych warunków środowiska, jeśli obserwowane trendy wzrostu temperatury i wzorce opadów będą się nadal utrzymywać. Taka utrata dostosowania obniży produktywność, zwiększy śmiertelność drzew leśnych oraz będzie miała bardzo negatywny wpływ na inne organizmy związane z ekosystemami leśnymi. Dlatego, aby możliwie zminimalizować negatywny wpływ zmian środowiskowych na zdrowie i produktywność lasu, ważne jest lepsze zrozumienie związków między wzorcami zmienności genetycznej różnych ekotypów a lokalnymi gradientami środowiska. Taka wiedza pomoże przewidzieć zachowanie populacji w zmieniającym się środowisku i dokonać, z odpowiednim wyprzedzeniem, wyboru najlepszego materiału do ponownego odnowienia lasu oraz zalesiania obszarów nieleśnych, biorąc pod uwagę modele przyszłych zmian środowiskowych. W ramach realizowanego projektu o dużym znaczeniu dla rozwoju nauk biologicznych i leśnych zbadane zostanie rozmieszczenie zmienności genetycznej dla tysięcy genów w najcenniejszych rodzimych ekotypach hodowlanych sosny zwyczajnej. Zastosowanych zostanie szereg analiz genetycznych w celu porównania danych ze zmiennością tych samych markerów genetycznych w populacjach referencyjnych reprezentatywnych dla zasięgu występowania gatunku w Europie i Azji, które prawdopodobnie przyczyniły się do powstania polskich drzewostanów sosnowych w okresie postglacjalnych migracji populacji. W badaniach wykorzystane zostaną nowe markery genetyczne, najnowsze osiągnięcia w zakresie wysokoprzepustowego genotypowania miejsc polimorficznych DNA oraz zaawansowane podejścia analityczne w badaniach porównawczych zmienności genomowej, geograficznej i środowiskowej kilkudziesięciu populacji gatunku. Badania dostarczą szczegółowej charakterystyki genetycznej istniejących zasobów sosny zwyczajnej w Polsce zarządzanych w ramach ścisłych mechanizmów gospodarowania leśnymi zasobami w obrębie stref nasiennych, które najprawdopodobniej wymagają istotnej rewizji. Zaplanowane badania umożliwią poznanie procesów wpływających na rozkład zmienności genetycznej populacji zróżnicowanych fenotypowo i ekologicznie oraz zdefiniowanie powiązań genetycznych pomiędzy ekotypami. Informacja na temat wzajemnej zmienności genetycznej ekotypów jest niezbędna do lepszego przewidywania prawdopodobnych reakcji populacji na zmieniające się warunki środowiska oraz do opracowania skutecznych strategii ochrony i zarządzania najcenniejszymi populacjami sosny zwyczajnej w Polsce, a znajdującymi się pod silnym wpływem postępujących zmian środowiskowych.