

Celem projektu jest rozpoznanie struktury genetycznej skandynawskich populacji jałowca pospolitego oraz czynników determinujących obserwowany wzorzec. Badania zostaną przeprowadzone po raz pierwszy na tak obszernym materiale w tej części zasięgu gatunku. Wcześniejsze prace uwzględniały jedynie pojedynczą populację ze Szwecji (Hantemirova et al., 2017).

Biorąc pod uwagę obserwowaną redukcję liczebności populacji w północno-zachodniej Europie czy Śródziemnomorzu w wyniku zmian klimatycznych, degradacji siedlisk czy braku naturalnej regeneracji (Garcia et al., 2000; Gruwez et al., 2013), rozpoznanie poziomu zmienności skandynawskich populacji nabiera szczególnego znaczenie w kontekście zachowania bioróżnorodności zbiorowisk leśnych.

Badania mogą stanowić naukową podstawę planów ochrony i zarządzania zasobami genetycznymi gatunku, wspierając wdrożenie działań konserwatorskich z zakresu wspomaganej migracji czy ratowania genetycznego (genetic rescue). Jest to szczególnie ważne dla wielu izolowanych populacji gatunku, które w wyniku intensyfikacji dryfu genetycznego, wsobności i braku rekrutacji są narażone na erozję genetyczną, co prowadzi do obniżenia potencjału adaptacyjnego (Frankham et al., 2002). Potencjał adaptacyjny tkwi w zmienności genetycznej, dlatego tak dużą uwagę przywiązuje się do rozpoznania i zachowania jak najszerszego spektrum zmienności w ramach gatunku. Proponowany projekt podejmuje to zagrożenie.

Wyjaśnienie procesów leżących u podstaw zróżnicowania genetycznego i określenie roli czynników środowiskowych ma kluczowe znaczenie dla prawidłowego zarządzania zasobami gatunku w celu zapewnienia jego stabilności w zmieniającym się środowisku (Manel et al., 2003). Rozpoznanie struktury genetycznej czy czasu dywergencji może dostarczyć informacji na temat wpływu przeszłego klimatu na historię demograficzną populacji - co również nie było przedmiotem badań.