

JUSTYNA A. NOWAKOWSKA, ANETA MICHALSKA, TADEUSZ ZACHARA

Zmiany w strukturze genetycznej naturalnego odnowienia dębu (*Quercus petraea* [Matt.] Liebl.) w odniesieniu do drzew matecznych*

Changes in genetic structure of sessile oak (*Quercus petraea* [Matt.] Liebl.) natural regeneration in relation to maternal trees

ABSTRACT

Nowakowska J. A., Michalska A., Zachara T. 2014. Zmiany w strukturze genetycznej naturalnego odnowienia dębu (*Quercus petraea* [Matt.] Liebl.) w odniesieniu do drzew matecznych. Sylwan 158 (2): 83-89.

The genetic variability of sessile oak (*Quercus petraea* L.) mature stand and its natural progeny was investigated. Comparison between genetic structure of parental and progeny trees was based on frequencies of nuclear microsatellite (SSR) alleles occurring in three DNA loci. A slight (4%) increase of gene pool between oak mature and progeny trees was revealed by heterozygosity level estimation, maintaining 86.3% of genetic similarity between generations. Also allele richness, partition probability of basic clustering and inbreed coefficient proved the high genetic similarity between parental and progeny of investigated oak trees. The gene flow occurred within the stands as far as rare alleles were transmitted or new ones appeared in the progenies. The results highlight the necessity of such a study for silvicultural measures taken in order to proceed natural or artificial regeneration in forest tree stand.

KEY WORDS

SSR markers, genetic differentiation, natural regeneration

ADDRESSES

Justyna A. Nowakowska – e-mail: j.nowakowska@ibles.waw.pl

Aneta Michalska

Tadeusz Zachara – e-mail: t.zachara@ibles.waw.pl

Zakład Hodowli Lasu i Genetyki Drzew Leśnych; Instytut Badawczy Leśnictwa; Sękocin Stary;
ul. Braci Leśnej 3; 05-090 Raszyn

Wstęp

Różnorodność biologiczna jest jednym z najważniejszych czynników gwarantujących stabilność i trwałość ekosystemów leśnych. Wysoki poziom różnorodności genetycznej gatunków stanowi potencjał adaptacji osobników i populacji do zmiennych warunków środowiska [Hosius i in. 2006]. Współczesna gospodarka leśna kładzie szczególny nacisk na nowoczesne metody zarządzania zasobami leśnymi w ramach leśnictwa wielofunkcyjnego, m.in. przez odpowiedni wybór drzewostanów o cennych cechach hodowlanych i wysokiej plastyczności, z których pozyskiwany jest leśny materiał rozmnożeniowy. Zachowanie zasobów genowych gatunków drzew leśnych jest priorytetowym działaniem gospodarki leśnej w Europie i na świecie [Fonder 2005].

Badania genetyczne nabierają istotnego znaczenia również w odniesieniu do problemu naturalnego odnawiania lasu, głównie w aspekcie poznania procesów przekazywania puli genowej

* Badania sfinansowano w ramach projektu Lasów Państwowych BLP-339 „Odnowienie naturalne najważniejszych gatunków lasotwórczych w Polsce jako element strategii trwałego i zrównoważonego zagospodarowania lasu”.

między pokoleniami drzew rodzicielskich a pulą odnowienia oraz naturalnej selekcji następującej w czasie wzrostu siewek. Powierzchnia polskich lasów objęta odnowieniem naturalnym wzrosła w ostatnich dziesięcioleciach z 3% do około 10% [Raport... 2011], przy czym nadal pozostaje mniejsza niż w większości krajów sąsiednich [Conservation... 1999; State... 2003]. Postulat trwałej i zrównoważonej gospodarki leśnej implikuje wzrost zainteresowania metodami naturalnego odnawiania [Andrzejczyk i in. 2009]. Jednym z argumentów za poszerzeniem areálu odnowień naturalnych jest większa szansa na zachowanie lokalnej puli genetycznej w porównaniu do puli powstałej z odnawiania sztucznego. Badania nad porównaniem struktury genetycznej drzewostanu macierzystego i powstałego odnowienia prowadzono dotąd głównie w odniesieniu do gatunków cienioznośnych, zwłaszcza buka, jodły, daglezi oraz świerka [Savolainen, Kärkkäinen 1992; Rajora 1999; Hosius i in. 2006; Wehenkel i in. 2006; Konnert, Hosius 2010], znacznie rzadziej dla dębu [Dering, Chybicki 2012].

W niniejszym opracowaniu przeanalizowano poziom zmienności i zróżnicowania genetycznego na podstawie markerów DNA w odnowieniu naturalnym (z samosiewu) dębu bezszypułkowego w odniesieniu do drzewostanów dorosłych. Badania miały na celu określenie procentowego wzbogacenia bądź zubożenia puli genowej w młodym pokoleniu lasu, w aspekcie szerszego projektu badawczego, którego celem była ocena możliwości zwiększenia areálu odnowień naturalnych w polskich lasach.

Material i metody

Do badań genetycznych zebrano próby z 60 drzew dębu bezszypułkowego w Nadleśnictwie Oborniki Śląskie, leśnictwo Rościszawice, oddział 353f (86-letni drzewostan o składzie gatunkowym 6 Db 4 So, o zwarciu przerywanym), na siedlisku boru mieszanego świeżego, z 9-letnim nalotem o pokryciu 30%. W celu określenia struktury genetycznej pobrano 30 próbek liści u losowo wybranych drzew dojrzałych znajdujących się w odległości nie mniejszej niż 10 m od siebie oraz około 30 próbek liści z odnowienia.

Cząsteczki DNA genomowego izolowano z tkanek roślinnych za pomocą zestawów do izolacji DNA (DNeasy 250 Plant Mini Kit, QIAGEN), a otrzymane DNA analizowano ilościowo i jakościowo za pomocą spektrofotometru Nanodrop ND-1000 (TK-Biotech). W celu scharakteryzowania struktury genetycznej osobników dorosłych i odnowienia zastosowano trzy mikrosatelitarne loci (SSR) jądrowego DNA: QpZAG36, QrZAG102 i QrZAG58 [Muir, Schlötterer 2005], które analizowano, stosując multipleksową reakcję polimerazy łańcuchowej (PCR), a wyniki odpowiednich genotypów odczytywano w automatycznym sekwenatorze CEQ 8000 (Beckman Coulter®). Otrzymane profile loci SSR odczytywano za pomocą programu CEQ™ 8000 Series Genetic Analysis System Software v 9.0 w automatycznym sekwenatorze (Beckman-Coulter).

Obliczenia podstawowych parametrów genetycznych, w tym obserwowaną (n_a) i oczekiwaną (n_e) liczbę alleli oraz liczbę alleli polimorficznych, wykonano według programu PopGen wersja 1.32 [Yeh i in. 1997], stosując wzory Nei'a [1987]. Zmienność wewnątrz grup obliczono na podstawie częstości alleli oraz heterozygotyczności H_O i H_E [Nei 1978] w programie GenAlEx 6.5 [Peakall, Smouse 2012]. Biorąc pod uwagę niejednakową liczbę badanych drzew w grupach drzew dorosłych dębu, oszacowano parametr „bogactwa alleli” A_R za pomocą programu FSTAT v. 2.9.3.2 [Gudet 2002], obliczany dla najmniejszej liczebności próby w obrębie porównywanych grup. Ten sam program wykorzystano do obliczeń współczynnika wsobności F_{IS} według Weira i Cockerhama [1984]. Frekwencje występowania alleli null otrzymano za pomocą algorytmu EM [Dempster i in. 1977] w programie GenePop v. 4.0.10 [Rousset 2008]. Podobieństwo genetyczne określono, obliczając prawdopodobieństwo podziału między drzewami dorosłymi a odnowieniem

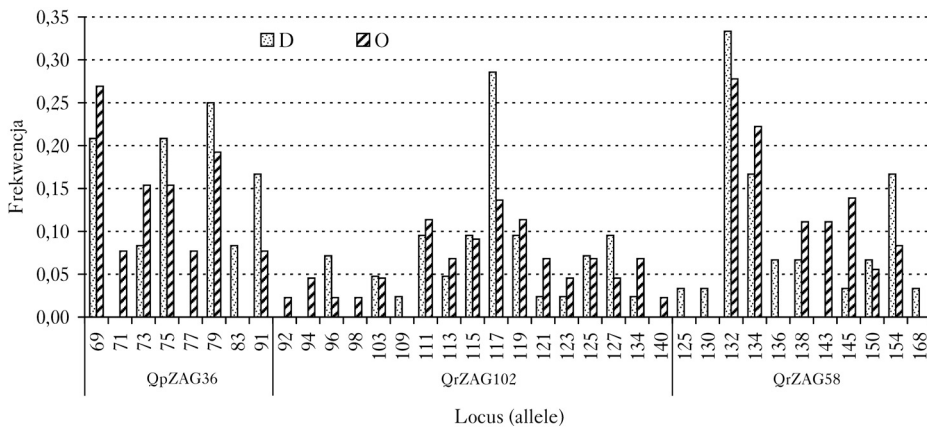
(partition probability, P_i), na podstawie analizy podstawowego skupienia (basic clustering) dla $p=0,02$ w programie BAPS 2.0 [Corander i in. 2003].

Przepływ genów w obrębie każdego drzewostanu przedstawiono za pomocą parametru N_m , który określa liczbę osobników przemieszczających się pomiędzy populacjami w trakcie migracji [Nei 1987]. Obliczony na podstawie współczynnika fiksacji F_{st} Wrighta [1978], współczynnik N_m w naszych badaniach był traktowany jako miara powtórzenia tego samego genotypu, który występuje zarówno u drzew potomnych, jak i rodzicielskich w drzewostanie. Zatem parametr N_m odnosił się do migrujących alleli w procesie przepływu genów między badanymi grupami drzew rodzicielskich i potomnych. Ogólnie uważa się, że populacja ma duży przepływ genów, gdy wartość $N_m > 1$ [Slatkin, Barton 1989].

Wyniki

Dla obu grup drzew dorosłych i potomnych otrzymano w locus QpZAG36 8 różnych wariantów alleli o wielkości od 69 do 91 par zasad (ryc.). Wśród badanych drzew dorosłych najczęściej występował allel 79 pz (frekwencja 25%), zaś w odnowieniu – allel 69 pz (27%). Między populacją drzew dorosłych a potomnych w tym locus zaobserwowano utratę 1 wariantu allela (83 pz) oraz zysk 2 alleli 71 i 77 pz. Dla locus QrZAG102 otrzymano 17 wariantów alleli o wielkości od 92 do 140 pz. Zarówno u drzew dorosłych, jak i w odnowieniu dominował allel 117 pz (frekwencja 27% i 14%). W tym locus odnowienie miało 4 nowe warianty alleli i nie było w nim 1 allela (109 pz) z populacji drzew dorosłych. Jedenaście wariantów alleli o wielkości od 125 do 168 pz otrzymano w mikrosatelitarnym locus QrZAG58. W drzewach dorosłych i w odnowieniu głównie występował allel 132 pz, z frekwencją odpowiednio 33% i 28%. Odnowienie miało 1 nowy allel 143 pz, ale nie było w nim 4 alleli (125, 130, 136 i 168 pz) z populacji drzew dorosłych (ryc.).

Średnia obserwowana liczba alleli w locus u drzew dorosłych i potomnych była na tym samym poziomie, odpowiednio: $n_a=9,333 \pm 3,512$ i $n_a=9,333 \pm 4,163$ (tab.). Oczekiwane średnie liczby alleli na locus oraz bogactwo alleli A_R były niższe u drzew dorosłych ($n_e=5,794$; $A_R=9,040$) w porównaniu do drzew potomnych ($n_e=7,472$; $A_R=12,460$). Średnia liczba alleli null dla badanych loci mikrosatelitarnych u dębu była wysoka i wyniosła 21% na locus u drzew dorosłych i 25% na locus w odnowieniu. U drzew dorosłych zaobserwowano wyższy poziom heterozygoty-



Ryc.

Frekwencja alleli w badanych loci mikrosatelitarnego DNA u drzew dorosłych (D) i w odnowieniu (O) dębu bezszypułkowego

Frequency of analysed microsatellite DNA loci within adult (D) and progeny (O) trees of sessile oak

Tabela.

Zmienność genetyczna dla badanych dębów rodzicielskich (D) i potomnych (O)
Genetic variation of adult (D) and progeny (O) sessile oak trees

| Locus | Typ drzew | A ₀ | n _a | n _c | A _R | H _O | H _E | F _{IS} |
|----------|-----------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|-----------------|
| QpZAG36 | D | 24 | 6,000 | 5,236 | 6,000 | 0,250 | 0,809 | 0,713* |
| | O | 26 | 6,000 | 5,556 | 8,982 | 0,000 | 0,820 | 0,918* |
| QrZAG102 | D | 42 | 13,000 | 8,018 | 14,852 | 0,905 | 0,875 | 0,045 |
| | O | 44 | 14,000 | 11,126 | 17,444 | 0,954 | 0,910 | 0,016 |
| QrZAG58 | D | 30 | 9,000 | 4,128 | 11,657 | 0,467 | 0,758 | 0,414* |
| | O | 36 | 8,000 | 5,734 | 10,966 | 0,333 | 0,826 | 0,641* |
| Średnia | D | 32 | 9,333 ±3,512 | 5,794 ±2,004 | 9,040 | 0,540 ±0,334 | 0,814 ±0,059 | 0,381* |
| | O | 33 | 9,333 ±4,163 | 7,472 ±3,166 | 12,460 | 0,429 ±0,484 | 0,852 ±0,050 | 0,518* |

* istotne przy $p < 0,001$; significant at $p < 0,001$

czności obserwowanej ($H_O = 0,540 \pm 0,334$) niż u potomstwa ($H_O = 0,429 \pm 0,484$). Jednak w grupie drzew potomnych heterozygotyczność oczekiwana była o około 4% wyższa ($H_E = 0,852 \pm 0,050$) w porównaniu do odnowienia naturalnego ($H_E = 0,814 \pm 0,059$; tab.).

Parametr wsobności F_{IS} według Weira i Cockerhama [1984] dla alleli w grupie drzew dorosłych był statystycznie istotnie niższy od wartości F_{IS} w odnowieniu dla loci: QpZAG36 i QrZAG58 (tab.). Jedynie w przypadku locus QrZAG102 drzewa dorosłe miały statystycznie nieistotnie wyższy poziom współczynnika F_{IS} w porównaniu do odnowienia (odpowiednio 0,045 i 0,016). Dorosłe dęby miały bardziej utrwalone allele ($F_{IS} = 0,381$) w porównaniu do drzew z odnowienia naturalnego ($F_{IS} = 0,518$), co potwierdza wpływ procesów selekcji i adaptacji genetycznej w pokoleniu dojrzałym. Obie grupy dębów charakteryzował niewielki dystans genetyczny $D_N = 0,147$, co świadczy o dużym pokrewieństwie genetycznym między badanymi drzewami dorosłymi i odnowieniem 86,3% ($P_t = 1$; $p = 0,02$). Wysoka wartość współczynnika $N_m = 17,51$ potwierdziła duży przepływ genów między badanymi drzewami. Biorąc pod uwagę około 4% wzrost udziału heterozygot w pokoleniu potomnym, można przypuszczać, że duża liczba drzew rodzicielskich wzięła udział w kształtowaniu puli genowej potomstwa oraz że drzewa z drzewostanów sąsiednich mogły brać udział w przepływie genów.

Dyskusja

Bogactwo puli genowej gatunku najczęściej określane jest na podstawie częstości różnych form alleli DNA występujących w genomie. Im bardziej zróżnicowana jest pula genowa gatunku, tym większe prawdopodobieństwo wystąpienia korzystnej kombinacji alleli, gwarantującej przeżywalność i przystosowanie do zmiennych warunków środowiska. Współczesne badania, oparte na nowoczesnych narzędziach genetyki molekularnej w leśnictwie, umożliwiają precyzyjną charakterystykę leśnych zasobów genowych poprzez określenie puli genowej drzewostanu, poznanie procesów dziedziczenia korzystnych cech hodowlanych oraz wpływu czynników zewnętrznych (antropologicznych i środowiskowych) na zmiany w strukturze genetycznej populacji na poziomie informacji genetycznej zawartej w DNA jądrowym, mitochondrialnym i chloroplastowym [Kremer, Reviron 2004; Neale, Ingvarsson 2008].

Dzięki analizom molekularnym opracowano mapy rozmieszczenia poszczególnych genotypów i haplotypów dla 42 naturalnych lub zbliżonych do naturalnych drzewostanów dębowych na terenie Polski [Csaikl i in. 2002; Nowakowska i in. 2007]. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono podobieństwo genotypów i haplotypów między populacjami położonymi w badanym regionie leśnego materiału podstawowego a populacjami ościennymi. Zaobserwowane

podobieństwa w strukturze genetycznej populacji mogą świadczyć o wspólnych trasach rekolonizacji Polski z refugium polodowcowych oraz o wymianie materiału genetycznego (pyłek, nasiona) między badanymi drzewostanami różnowiekowymi w obrębie gatunku.

Poziom zmienności genetycznej organizmów jest zazwyczaj wyrażany za pomocą parametrów genetycznych, odzwierciedlających bogactwo puli genowej danego gatunku. Średnie oczekiwane liczby alleli (n_e) i heterozygotyczności według Neia [1978] (H_E) na locus, obliczone przy założeniu zachowania stanu równowagi Hardy-Weinberga w populacji, zakładają m.in. równy udział drzew rodzicielskich w procesach reprodukcji i brak dryfu genetycznego, czyli zawężenia puli genów na skutek migracji lub efektu „założyciela”. Na podstawie uzyskanych wyników niniejszych badań można stwierdzić, że pokolenie potomne w badanym drzewostanie dębowym posiadało zbliżoną strukturę genetyczną do drzew rodzicielskich. Uzyskane wartości współczynnika F_{IS} potwierdziły duży stopień utrwalenia alleli w obrębie każdej z badanych grup dębu. Zaobserwowana większa o 14% wartość współczynnika wsobności F_{IS} w odnowieniu względem drzew dorosłych wskazuje na działające procesy adaptacji i selekcji wśród drzew pokolenia potomnego w badanym drzewostanie. Niewielkie wzbogacenie puli genowej w odnowieniu dębowym (o 4% większa H_E niż u drzew dojrzałych) oraz duży stopień podobieństwa (86,3%) między obiema pulami genetycznymi potwierdza przepływ genów między pokoleniem rodzicielskim i potomnym. Dodatkowo, w odnowieniu dębowym, pula genowa została wzbogacona o „nowe” genotypy (większe wartości A_R i H_E w porównaniu do drzew dorosłych). Wzrost wartości heterozygotyczności nastąpił prawdopodobnie również przy udziale pyłku z drzewostanów sąsiednich. Jednakże stwierdzenie to wymaga dodatkowych badań, ze względu na zaobserwowany duży udział alleli null w badanych grupach drzew dębowych (ponad 20%).

Zachowanie poziomu podobieństwa genetycznego, a nawet niewielkie wzbogacenie puli genowej u potomstwa, wskazuje na zachowanie struktury genetycznej drzewostanów we wczesnych fazach wzrostu. Warto zauważyć, że nie zawsze duża heterozygotyczność osobników potomnych odzwierciedla lepsze przystosowanie gatunku do zmiennych warunków środowiska. Czynniki selekcyjne mogą działać w kierunku powstawania osobników homozygotycznych w jednych loci, a heterozygotycznych w innych miejscach genomu, zmniejszając przez to obciążenie genetyczne przez faworyzowanie „wyspecjalizowanych” alleli, odpowiedzialnych za korzystne cechy adaptacyjne populacji [Whitlock 2002].

Wyniki badań potwierdzają ogólną opinię innych autorów zajmujących się zagadnieniem korzystnego wpływu odnowienia naturalnego na zachowanie zasobów genowych drzew leśnych. Samo odnawianie naturalne nie jest jednak warunkiem wystarczającym w zachowaniu puli genowej pokolenia. Zdaniem Sabora [2003] stosowana rębnia musi umożliwiać swobodny przepływ genów między populacjami danego gatunku. Niekorzystne jest odnawianie izolowanych populacji, gdyż może prowadzić do chowu wsobnego. Zabiegi pielęgnacyjne (cięcia) należy prowadzić tak, aby umożliwić dostęp pyłku z sąsiadujących drzewostanów oraz w miarę możliwości wykorzystywać nie jeden rok nasienny, lecz dwa lub więcej [Šindelař, Frydl 2005]. Wyniki badań prowadzonych w Niemczech wskazują na zachowanie wysokiego poziomu zmienności genetycznej w podroście drzewostanów bukowych, pod warunkiem, że duża liczba drzew dorosłych brała udział w obradzaniu [Konnert, Hosius 2010]. Rębnie częściowe lub zręby zupełne z nasiennekami w większości wypadków obniżają wielkość puli genowej [Hosius i in. 2006]. Korzystniejsze są rębnie stopniowe z długim okresem odnowienia, a także rębnia przerębnowa [Konnert i in. 2007]. Dlatego pewne problemy mogą sprawiać gatunki światłożądne.

Dla sformułowania bardziej szczegółowych wskazań dla praktyki leśnej genetyczne aspekty odnawiania drzewostanów dębowych powinny być zbadane na większej liczbie populacji.

Wnioski

- ✦ Niewielkie wzbogacenie struktury genetycznej dwóch pokoleń w badanej populacji dębu z Nadleśnictwa Oborniki Śląskie może sugerować korzystne procesy selekcji adaptacyjnej pokolenia potomnego do warunków siedliska poprzez zachowanie wybranych genów, odpowiedzialnych za korzystne cechy adaptacyjne.
- ✦ Badania nad zmiennością genetyczną drzewostanu macierzystego i odnowienia naturalnego powinny być kontynuowane, zwłaszcza wobec słabo zbadanych pod tym względem dębów.
- ✦ Poznanie zmienności genetycznej DNA drzewostanu na poziomie drzew rodzicielskich i odnowienia naturalnego (z samosiewu) może być wysoce przydatne w opracowaniu długoterminowej strategii trwałego i zrównoważonego zagospodarowania lasu w przyszłości.

Podziękowania

Autorzy składają podziękowania pracownikom Nadleśnictwa Oborniki Śląskie za udostępnienie drzewostanów do badań, jak również Jolancie Bieniek, Małgorzacie Borys i Annie Terebie z Zakładu Hodowli i Genetyki Drzew Leśnych IBL za pomoc w analizach laboratoryjnych DNA i opracowaniu danych.

Literatura

- Andrzejczyk T., Aleksandrowicz-Trzczińska M., Żybura H. 2009. Wpływ cięć rębnych na zagęszczenie, wzrost i stan zdrowotny odnowień naturalnych sosny w warunkach nadleśnictwa Tuszyn. *Leś. Pr. Badaw.* 70 (1): 5-17.
- Conservation and Sustainable Management of Forests in Central and Eastern European Countries. 1999. PHARE Environmental Consortium, EC PHARE Programme, Brussels. 79.
- Corander J., Waldmann P., Sillanpää M. J. 2003. Bayesian analysis of genetic differentiation between populations. *Genetics* 163: 367-374.
- Csaikl U. M., Glaz I., Baliuckas V., Petit R. J., Jensen J. S. 2002. Chloroplast DNA variation of white oak in the Baltic countries and Poland. *For. Ecol. Manag.* 156: 211-222.
- Dempster A. P., Laird N. M., Rubin D. B. 1977. Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B (Methodological)* 39 (1): 1-38.
- Dering M., Chybicki I. 2012. Assessment of genetic diversity in two-species oak seed stands and their progeny populations. *Scand. J. For. Res.* 27: 2-9.
- Eriksson G., Ekberg I. 2001. An introduction to forest genetics. SLU Repro, Uppsala, Sweden. 166.
- Fonder W. 2005. Realizacja „Programu zachowania leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew leśnych w Polsce” w latach 1991-2005. W: Ochrona leśnych zasobów genowych i hodowla selekcyjna drzew leśnych w Polsce – stan i perspektywy. SITLiD, Warszawa. 16-37.
- Gudet J. 2002. J. Fstat version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. *Journal of Heredity* 86 (6): 485-486.
- Hartl D. L., Clark A. G. 1989. Principles of population genetics. 2nd ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA. 125.
- Hosius B., Leinemann L., Konnert M., Bergmann F. 2006. Genetic aspects of forestry in the Central Europe. *Eur. J. of For. Res.* 125: 407-417.
- Konnert M., Hosius B. 2010. Contribution of forest genetics for a sustainable forest management. *Forstarchiv* 4: 170-174.
- Konnert M., Hosius B., Hüssendorfer E. 2007. Genetische Auswirkungen waldbaulicher Maßnahmen – Ergebnisse, Stand und Forschungsbedarf *Forst.-u-Holz* 1: 8-14.
- Kosińska J., Lewandowski A., Chałupka W. 2007. Genetic variability of Scots pine maternal populations and their progenies. *Silva Fennica* 41 (1): 5-12.
- Kremer A., Reviron M. P. 2004. Dynamics and conservation of genetic diversity in forest ecosystems. *For. Ecol. Manag.* 197: 1-2.
- Muir G., Schlötterer C. 2005. Evidence for shared ancestral polymorphism rather than recurrent gene flow at microsatellite loci differentiating two hybridizing oaks (*Quercus* spp.). *Mol. Ecol.* 14: 549-561.
- Neale D. B., Ingvarsson P. K. 2008. Population, quantitative and comparative genomics of adaptation in forest trees. *Plant Biol.* 11 (2): 149-155.
- Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 23: 341-369.
- Nei M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York. 176-187.
- Nowakowska J. A., Oszako T., Bieniek J., Rakowski K. 2007. Charakterystyka genetyczna PCR-RFLP oraz ocena zdrowotności wybranych populacji dębu elbląskiego i krotoszyńskiego. *Leś. Pr. Badaw.* 3: 33-51.

- Peakall, R., Smouse P. E. 2012. GenALEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28: 2537-2539.
- Rajora O. P. 1999. Genetic biodiversity impacts of silvicultural practices and phenotypic selection in white spruce. *Theor. Appl. Genet.* 99: 954-961.
- Report o stanie lasów w Polsce. 2011. CILP, Warszawa. 84.
- Rousset F. 2008. Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol. Ecol. Res.* 8: 103-106.
- Sabor J. 2003. Wpływ stosowanych zabiegów pielęgnacyjnych i rębni na zmianę struktury genetycznej drzewostanów. *Sylvan* 147 (2): 39-48.
- Savolainen O., Kärkkäinen K. 1992. Effect of forest management on gene pools. *New Forests* 6: 329-345.
- Šindelař J., Frydl J. 2005. Vliv pestebních zásahů na skladbu populací. *Lesnická Práce* 2: 14-15.
- Slatkin M., Barton N. H. 1989. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. *Evolution* 43: 1349-1368.
- State of Europe's Forests. 2003. The MCPFE Report of Sustainable Forest Management in Europe. UN/ECE. 126.
- Wehenkel C., Bergmann F., Gregorius H. R. 2006. Is there a trade-off between species diversity and genetic diversity in forest tree communities? *Plant Ecol.* 185: 151-161.
- Weir B. S., Cockerham C. C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
- Whitlock M. C. 2002. Selection, load, and inbreeding depression in a large metapopulation. *Genetics* 160: 1191-1202.
- Wright S. 1978. Variability within and among natural populations. Vol. 4. The Univ. of Chicago Press, Chicago. 40.
- Yeh F. C., Yang R., Boyle T. 1999. POPGENE v. 1.31, Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis.

SUMMARY

Changes in genetic structure of sessile oak (*Quercus petraea* [Matt.] Liebl.) natural regeneration in relation to maternal trees

Stability and sustainability of forest ecosystems rely on biodiversity and genetic variability of species. The richness of species gene pool refer to the prevalence of different forms of genes or alleles found in the genome. Modern research tools based on molecular DNA markers enable precise characterization of forest genetic resources, i.e. detection of allelic composition of mature trees and progeny population within a stand. The paper aims to determine genetic structure of sessile oak (*Quercus petraea* L.) stand focusing on transmission of the genetic variability between maternal and progeny trees. Comparison between genetic structure relying on frequencies of nuclear microsatellite SSR loci revealed high genetic similarity (86.3%) between parental and progeny populations of investigated oak stand. Moreover, allele richness, partition probability of basic clustering and inbreed coefficient proved high genetic similarity between parental and progeny populations ($P_t=1$; $p=0.02$), as far as rare alleles were transmitted or new ones appeared in the progenies. Slight enrichment in the gene pool of regenerated oak stand suggested high gene flow between parent and progeny trees, demonstrated by migrant allele parameter $N_m=17.51$. In addition, the gene pool of progeny has been enriched by 4%, probably via pollen from neighboring stands. Low F_{IS} values confirmed high degree of fixation of alleles within investigated stand, suggesting a conservation of the genetic structure of the studied trees at early stages of growth. Understanding the genetic differentiation between mature trees and natural regeneration (by self-seeding) can be highly useful in the development of long-term strategy for sustainable forest management in the future.