

ARTUR DZIAŁUK, JAROSŁAW BURCZYK

## Zmiany struktury genetycznej pomiędzy populacją rodzicielską a potomną w drzewostanie nasiennym sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.)\*

Changes of genetic structure between parental and offspring populations in a seed tree stand of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.)

### ABSTRACT

Działuk A., Burczyk J. 2006. Zmiany struktury genetycznej pomiędzy populacją rodzicielską a potomną w drzewostanie nasiennym sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.). Sylwan 10: 30-38.

Eight isozyme gene loci were used to compare genetic structure and variation of parental and offspring populations of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in the seed tree stand located in the Woziwoda Forest District of the Tuchola Forest. Although, the estimated parameters indicate small reduction of heterozygosity in offspring populations, the stand may be considered as a valuable seed source for reforestation.

### KEY WORDS

genetic diversity, genetic erosion, seed tree stand, Scots pine

### ADDRESSES

Artur Działuk – Zakład Genetyki; Instytut Biologii i Ochrony Środowiska; Uniwersytet Kazimierza Wielkiego; ul. Chodkiewicza 30; 85-064 Bydgoszcz; e-mail: dzialuk@ukw.edu.pl

Jarosław Burczyk – Zakład Genetyki; Instytut Biologii i Ochrony Środowiska; Uniwersytet Kazimierza Wielkiego; ul. Chodkiewicza 30; 85-064 Bydgoszcz

### Wstęp

Zmienność genetyczna jest podstawą różnorodności wszystkich organizmów [Ledig 1986]. Ma ona szczególne znaczenie dla adaptacji gatunku do zmian klimatycznych zachodzących w środowisku, a jej znajomość jest ważna dla zrozumienia wielu procesów genetycznych zachodzących w populacjach. Różnorodność genetyczna populacji jest ponadto podstawowym źródłem zmienności wykorzystywanej przez człowieka w hodowli w celu zwiększenia i uszlachetnienia produkcji rolniczej i leśnej [Hedrick 2001].

Sosna zwyczajna to typowy gatunek eurosyberyjski, charakteryzujący się rozległym obszarem występowania, obejmujący swym zasięgiem kilka różnych regionów geograficznych i kilka stref klimatycznych. W Polsce przeważają drzewostany z sosną zwyczajną jako gatunkiem panującym (łącznie z modrzewiem – 68% powierzchni lasów), przy czym ich udział waha się od 25,6% w woj. małopolskim do 88,1% w woj. lubuskim [Dawidziuk 2001].

Wyłączone drzewostany nasienne charakteryzują się najwyższą jakością genetyczną, gwarantującą uzyskanie wartościowego materiału nasiennego [Dawidziuk 2001]. Jednakże z uwagi na bardzo intensywny przepływ genów u sosny przez pyłek, są one narażone na imigrację genów z otaczających drzewostanów. Istnieje zatem duże prawdopodobieństwo, że nasiona pozyskiwane z drzewostanów nasiennej mogą być efektem zapylenia również przez osobniki rosnące poza

\* Badania zostały sfinansowane w ramach grantu Komitetu Badań Naukowych (Grant nr: 6 P06H 019 20)

wyselekcjonowanym drzewostanem. Nasiona takie nie będą w pełni odzwierciedlać zmienności genetycznej drzewostanu nasiennego. Szczególnie zagrożone będą te populacje, w których bezpośrednim otoczeniu znajdują się intensywnie uprawiane monokultury sosnowe, które mogą charakteryzować się mniejszą zmiennością genetyczną. W skrajnym przypadku, szczególnie kiedy produkcja własnego pyłku jest niewielka, może to prowadzić do erozji genetycznej populacji i znacznego obniżenia oczekiwanego zysku genetycznego.

Celem niniejszej pracy było zbadanie, w jakim stopniu nasiona produkowane w wyłączonym drzewostanie nasiennym sosny zwyczajnej odzwierciedlają poziom zmienności genetycznej populacji rodzicielskiej, wykorzystując w tym celu izoenzymy, jako markery genetyczne.

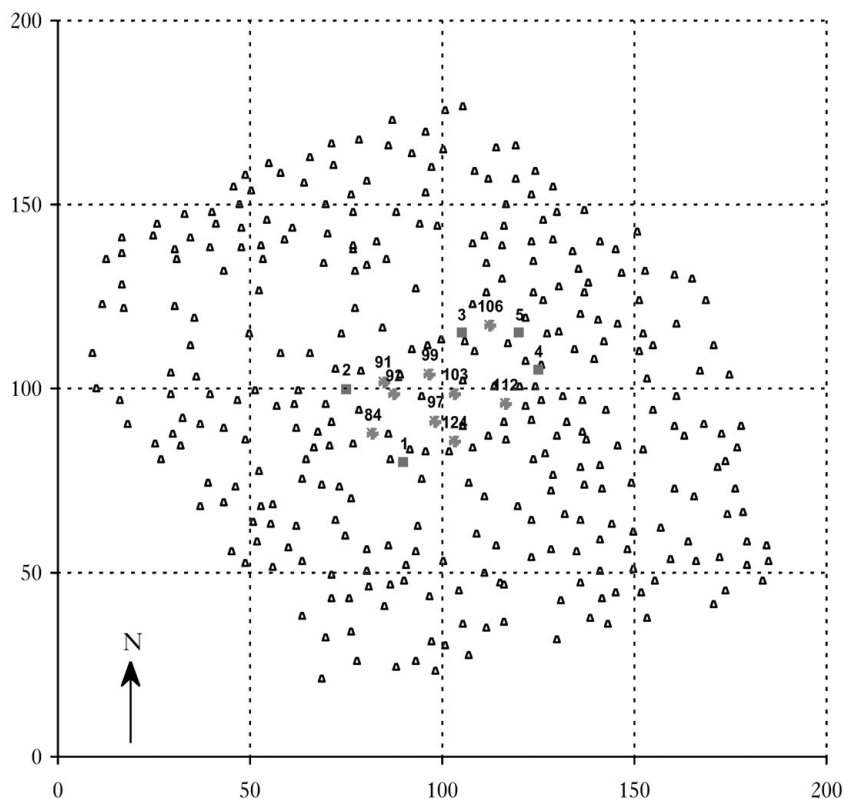
## Materiały i metody

Badania przeprowadzono w wyłączonym drzewostanie nasiennym sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) w Nadleśnictwie Woziwoda w Borach Tucholskich, liczącej około sto sześćdziesiąt lat (stan na 1.01.1998). Nadleśnictwo gospodaruje na powierzchni ok. 15 tys. ha, na których przeważają ubogie siedliska borowe z blisko 98% udziałem sosny. Badany drzewostan otoczony jest monokulturami *Pinus sylvestris*. W kierunku północnym przylega do niego drzewostan czterdziestoletni, na południu znajduje się oddział, tworzony przez drzewa stusześdzieściolate, na zachodzie badana populacja sąsiaduje z drzewostanem czterdziestoletnim, a na wschodzie z drzewostanem liczącym około czterdzieści sześć lat (dane z Nadleśnictwa Woziwoda).

Na obszarze ok. 2 ha, z 321 drzew stanowiących wyjściową populację rodzicielską (ryc.) zebrano nasiona, a po analizie ośmiu megagametofitów nasion z każdego drzewa ustalono genotypy drzew rodzicielskich. W nielicznych wypadkach, gdzie z uwagi na brak obradzania lub niedostępność korony nie można było zebrać szyszek, pobrano gałązki z pąkami spoczynkowymi i igłami, na podstawie których określono genotypy.

Jako pokolenie potomne badanego drzewostanu posłużyły nasiona z wolnego obsiewu oraz dodatkowo, z uwagi na powszechnie stosowane praktyki hodowlane, nasiona zebrane bezpośrednio z dziewięciu drzew matecznych (ryc.). Z drzew matecznych wytypowanych w centralnej części drzewostanu, w marcu 1999 i 2001 roku zebrano co najmniej po sto szyszek. Z uwagi na bardzo słabe obradzanie drzewa nr 84, w roku 2001 zamiast niego do analiz włączono potomstwo drzewa nr 106. Łącznie poddano analizie 1921 nasion, starając się zachować równą liczebność prób z poszczególnych drzew matecznych oraz lat (tab. 1).

W pięciu miejscach centralnej części badanego drzewostanu nasiennego rozstawiono także zestawy pułapek, składające się z pięciu pułapek nasiennych, służące do zbioru nasion z wolnego obsiewu. Pułapki o wymiarach 65 × 45 cm składały się z dwóch części. Część górna wyposażona była w siatkę plastikową o średnicy oczek 1,5 cm, natomiast część dolna – siatkę o oczkach 1 mm. Obie części po złożeniu stanowiły stabilną konstrukcję, w której odległość pomiędzy siatkami wynosiła ok. 6 cm. Konstrukcja pułapki umożliwiała wyłapanie opadających nasion, zapobiegając jednocześnie ich utracie na skutek żerowania zwierząt. Sumaryczna powierzchnia pułapek w ramach zestawu wynosiła 1,46 m<sup>2</sup>, a łączna powierzchnia wszystkich pułapek na całej powierzchni badawczej wyniosła 7,31 m<sup>2</sup>. Pułapki umieszczano w miejscach pozbawionych odnowienia naturalnego, aby gałęzie podrostu nie stanowiły bariery dla opadających nasion. Średnia odległość pomiędzy zestawami pułapek wyniosła 33,2 m. Zbiór nasion z pułapek nasiennych prowadzono w maju i czerwcu 1999, 2000 oraz 2001 roku. Pułapki były wystawione w drzewostanie w okresie od początku kwietnia do końca czerwca, co roku w tych samych miejscach. Inspekcje pułapek i zbiór nasion odbywały się najpierw co 2 tygodnie, a po rozpoczęciu intensywnego wysiewu co tydzień.



Ryc.

Mapa rozmieszczenia drzew rodzicielskich ( $\Delta$ ), drzew matecznych (\*) oraz pułapek nasiennych (■) na powierzchni badawczej w wyłączonym drzewostanie nasiennym sosny zwyczajnej w Woziwodzie. Wartości skali w metrach

Map of parental trees ( $\Delta$ ), mother trees (\*) and seed traps (■) in the Scots pine seed stand in Woziwodzie. Values of scales in meters

Tabela 1.

Liczba analizowanych nasion pokolenia potomnego wybranych drzew matecznych w latach 1999 oraz 2001  
Number of analyzed seeds collected from selected mother trees in the years 1999 and 2001

Drzewo mateczne	Rok		Razem
	1999	2001	
84	68	nb	68
91	182	50	232
92	134	125	259
97	115	120	235
99	170	130	300
103	104	100	204
106	nb	117	117
112	134	125	259
124	124	123	247
Razem	1031	890	1921
Średnia	128,9	111,3	120,1

Badania struktury genetycznej populacji rodzicielskiej przeprowadzono na podstawie analizy ośmiu megagametofitów z każdego drzewa, natomiast w populacjach potomnych badano zarodki nasion. Zbadano osiem polimorficznych loci izoenzymowych: Gdh, Aat-1, Aat-2, Mdh-1, Mdh-3, Mdh-4, 6Pgd-2 i Skdh-1 wykorzystując metodę elektroforezy w żelach skrobiowych. Wymienione loci wybrano z uwagi na ich polimorficzny charakter oraz sprawdzony – mendelowski system dziedziczenia (segregacja alleli w proporcji 1:1) oraz generalnie brak wzajemnych sprzężeń [Niebling i in. 1987; Szmidt, Muona 1989]. Metody analiz elektroforetycznych wykorzystane w niniejszej pracy są analogiczne do opisanych przez Conkle i in. [1982]. Enzymy barwiono według procedur przedstawionych w pracach: Yeh i O'Malley [1980], Cheliak i Pitel [1984], Szmidt i Yazdani [1984], Lewandowski i Mejnartowicz [1990]. Wykorzystanie techniki Agar Overlay polegającej na dodawaniu do buforów barwiących 2% agaru [Odrzykoski 2002] pozwoliło na obniżenie kosztów analiz biochemicznych.

Analizę struktury genetycznej populacji rodzicielskiej oraz populacji potomnych przeprowadzono przy użyciu programu komputerowego PopGene, wersja 1.32, opracowanego przez Yeh i współpracowników [1997].

## Wyniki

ZMIENNOŚĆ GENETYCZNA POPULACJI RODZIELSKIEJ. Badania populacji rodzicielskiej wykazały, że wszystkie loci były polimorficzne. Średnia liczba alleli w locus ( $n_o$ ) wyniosła 3,63, natomiast efektywna liczba alleli ( $n_e$ ) 1,73. Heterozygotyczność obserwowana ( $H_o$ ) wyniosła 0,396. W populacji rodzicielskiej stwierdzono niewielki nadmiar heterozygot w porównaniu z teoretyczną populacją znajdującą się w stanie równowagi Hardy-Weinberga ( $F=-0,052$ ). Tym niemniej badana populacja rodzicielska znajduje się w stanie równowagi genetycznej, obserwowane bowiem częstości genotypów nie odbiegają w sposób statystycznie istotny od częstości oczekiwanych (tab. 2).

ZMIENNOŚĆ GENETYCZNA NASION Z DRZEW MATECZNYCH. Potomstwo badanych drzew matecznych zebranych w roku 1999 charakteryzuje się nieznacznie większą średnią liczbą alleli w locus ( $n_o=2,88$ ), efektywną liczbą alleli ( $n_e=1,67$ ) oraz heterozygotycznością obserwowaną ( $H_o=0,339$ ), w porównaniu z populacją potomną z roku 2001 (tab. 2).

Na uzyskane wartości parametrów genetycznych bez wątpienia wpływ miała nielosowa próba drzew matecznych, przy jednocześnie dużej liczbie osobników potomnych z każdego

**Tabela 2.**

Porównanie podstawowych parametrów genetycznych populacji rodzicielskiej oraz populacji potomnych  
Comparison of genetic parameters in parental and offspring populations

Populacja	$n_o$	$n_e$	$H_o$	$F$
Populacja rodzicielska	3,63	1,73	0,397	-0,052
Populacja potomna drzew matecznych:				
1999 rok	2,88	1,67	0,339	0,073
2001 rok	2,75	1,64	0,302	0,119
Populacja potomna z wolnego obsiewu:				
1999 rok	2,88	1,62	0,304	0,104
2000 rok	3,00	1,63	0,302	0,105
2001 rok	2,75	1,62	0,210	0,110

Oznaczenia:  $n_o$  – średnia liczba alleli w locus;  $n_e$  – efektywna liczba alleli w locus;  $H_o$  – heterozygotyczność obserwowana;  $F$  – współczynnik wsobności Wright'a

Abbreviations:  $n_o$  – mean number of alleles per locus;  $n_e$  – effective number of alleles per locus;  $H_o$  – observed heterozygosity;  $F$  – Wright's fixation index

drzewa. Potomstwo drzew matecznych to w zasadzie zestaw kilku rodów z wolnego zapylenia, co oznacza, że połowa alleli obserwowana w potomstwie pochodzi od drzew matecznych. W tym świetle wartości parametrów genetycznych, które zostały zebrane w tabeli 3, są w pewnym stopniu nieporównywalne z populacją rodzicielską. Tym niemniej, dla praktyki leśnej, z uwagi na wykorzystywanie wyselekcjonowanych drzew matecznych jako źródła nasion, informacja o stopniu wsobności populacji potomnej jest bardzo istotna. Średnia wartość współczynnika wsobności w 1999 roku wyniosła 0,073, a w roku 2001  $F=0,119$  i jest większa niż w pokoleniu rodzicielskim (tab. 2).

ZMIENNOŚĆ GENETYCZNA NASION Z WOLNEGO OBSIEWU. Najwięcej nasion zebrano w roku 2000 ( $n=1235$ ), a najmniej w roku 2001 ( $n=324$ ). Łącznie najwięcej nasion pełnych zebrano w pułapce nr 2 (293), a najmniej w pułapce nr 1 (144). Z kolei najwięcej nasion pustych zaobserwowano w pułapce nr 4 (206), a najmniej w pułapce nr 1 (138). Nasiona pełne, których genotypy ustalono, stanowiły średnio 56,5% całej próby (1134 sztuk). Najwięcej nasion pełnych (60%=741 sztuk) stwierdzono w pułapkach w roku 2000, który był jednocześnie rokiem największego urodzaju. W latach 1999 i 2001 nasiona pełne stanowiły odpowiednio 46,4% oraz 57,1% (tab. 3). Na podstawie obserwacji obliczono, że intensywność opadania nasion w 1999 roku wyniosła ponad 620 tys. szt./ha, w 2000 ponad 1,7 mln sztuk/ha, a w 2001 ponad 440 tys. szt./ha.

W puli zarodków nasion z wolnego obsiewu nie zaobserwowano dużego zróżnicowania parametrów genetycznych pomiędzy trzema kolejnymi sezonami (tab. 2). Największą średnią liczbę alleli zaobserwowano w 2000 roku ( $n_0=3,0$ ), natomiast wartości efektywnej liczby alleli w locus oraz heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej przyjmowały wartości na poziomie  $n_e \approx 1,60$ ,  $H_o \approx 0,30$  a  $H_e \approx 0,34$ . W trzech badanych latach stwierdzono nadmiar homozygot w stosunku do populacji znajdującej się w stanie równowagi Hardy-Weinberga, a częstości genotypów niektórych loci odbiegały w sposób statystycznie istotny od częstości oczekiwanych (test G, dane nie zamieszczone). Współczynnik wsobności przyjął wartości dodatnie na poziomie  $F \approx 0,10$ , przy czym największą wartość stwierdzono w populacji nasion z 2001 roku ( $F=0,110$ ).

Tabela 3.

Liczba nasion z wolnego obsiewu zebranych w pułapkach nasiennych w Woziwodzie w latach 1999, 2000 oraz 2001

Number of seeds collected in seed traps in Woziwoda in years 1999, 2000 and 2001

	Numer pułapki	1999	Rok 2000	2001	Razem	Średnia
Nasiona pełne	1	10	99	35	144	48,0
	2	52	207	34	293	97,7
	3	49	114	29	192	64,0
	4	46	148	39	233	77,7
	5	51	173	48	272	90,7
Razem		208	741	185	1134	–
Średnia		41,6	148,2	37,0	75,6	–
Nasiona puste	1	30	86	22	138	46,0
	2	89	78	24	191	63,7
	3	39	92	34	165	55,0
	4	36	137	33	206	68,7
	5	46	101	26	173	57,7
Razem		240	494	139	873	–
Średnio		48,0	98,8	27,8	174,6	–
Razem nasiona pełne i puste		448	1235	324	2007	

## Dyskusja

Badana populacja sosny zwyczajnej w Woziwodzie, traktowana w niniejszej pracy jako populacja rodzicielska, prezentuje wysoki poziom zmienności genetycznej, porównywalny do poziomu obserwowanego w innych drzewostanach naturalnych i na plantacjach nasiennych tego gatunku [Cheliak 1985; Gulberg i in. 1985; Mejnartowicz, Bergmann 1985; Yazdani i in. 1985a, 1985b; Müller-Starck 1986; Muona i in. 1988; Muona, Harju 1989; Paule, Mrazikova 1990; Wang i in. 1991; Prus-Głowacki, Stephan 1994]. Nieco mniejszą zmienność odnotowano w populacjach sosny zwyczajnej na skraju zasięgu w Hiszpanii, gdzie gatunek ten tworzy dwie, odmienne genetycznie grupy [Prus-Głowacki i in. 2003]. Duże zróżnicowanie międzypopulacyjne na Półwyspie Iberyjskim może być jednak wynikiem zróżnicowania środowiska oraz ograniczonego przepływu genów między populacjami. Z kolei w centralnej i zachodniej Europie pule genowe sosny zwyczajnej były kształtowane w okresie polodowcowym podczas migracji gatunków z refugium i intensywnej wymiany genów pomiędzy populacjami, a ostatnio również w wyniku działalności człowieka [Prus-Głowacki i in. 2003]. Mniejszy poziom zmienności genetycznej populacji peryferyjnych w stosunku do populacji z centrum zasięgu obserwowano także u innych gatunków drzew leśnych: *Alnus algitosa* [King, Ferris 1998], *Picea abies* [Lagercrantz, Ryman 1990], *Quercus alba* i *Q. suber* [Dumolin-Lapegue i in. 1997; Jimenez i in. 1999].

Populacja rodzicielska charakteryzuje się nadmiarem heterozygot w porównaniu do teoretycznej populacji kojarzącej się losowo. Z kolei pokolenie potomne w porównaniu z populacją rodzicielską charakteryzują się niższym poziomem heterozygotyczności, a co się z tym wiąże wyższym poziomem wsobności. Sugeruje to, że w pokoleniu potomnym badanego drzewostanu nasiennego istnieje tendencja do spadku heterozygotyczności oraz wzrostu wsobności. Wzrost wsobności jest naturalną konsekwencją samozapłodnienia lub kojarzenia się osobników spokrewnionych i notowany był wcześniej w populacjach sosny zwyczajnej [Rudin i in. 1977; Yazdani i in. 1985a]. Z kolei Muona i Harju [1989] obserwowały bardzo niski poziom współczynnika wsobności w populacjach naturalnych (od  $-0,006$  do  $0,060$ ) i bliski zeru na plantacjach nasiennych (od  $0,000$  do  $0,006$ ).

Nadmiar heterozygot w populacji dojrzałej, a z drugiej strony nadmiar homozygot i wzrost wsobności w populacji potomnej jest zjawiskiem typowym, często obserwowanym w naturalnych populacjach drzew iglastych [Muona 1989; Mitton 1998]. O ile wsobność potomstwa, jak wcześniej wspomniano, może wynikać z właściwości systemu kojarzenia drzew iglastych, u których możliwe jest samozapłodnienie, o tyle ciekawe jest zjawisko utraty wsobności (ujemne wartości współczynnika  $F$ ) wraz z wiekiem populacji. Nadmiar heterozygot stwierdzono m.in. w dojrzałych drzewostanach *Abies balsamea* [Neale, Adams 1985], *Larix decidua* [Lewandowski i in. 1991], *Picea mariana* [Boyle, Morgenstern 1986; Yeh i in. 1986], *Pinus leucodermis* [Morgante i in. 1993], *P. ponderosa* [Linhart i in. 1981], *P. radiata* [Plessas, Straus 1987], *P. sibirica* i *P. cembra* [Politov, Krutovskii 1994], *P. sylvestris* [Muona, Szmidt 1985; Prus-Głowacki, Nowak-Bzowy 1992] oraz *Pseudotsuga menziesii* [Shaw, Allard 1982]. Zjawisko takie najczęściej tłumaczy się postępującą wraz z wiekiem populacji, naturalną eliminacją osobników wsobnych [Brown 1979; Shaw, Allard 1982; Muona i in. 1987; Burczyk 1991; Lewandowski, in. 1991; Morgante i in. 1993; Mitton 1998]. Yazdani i in. [1985b] obserwowali w naturalnie odnawiającym się drzewostanie sosny zwyczajnej eliminację homozygot do wieku 10 lat. Wczesną eliminację homozygot stwierdzono także u *Pinus ponderosa* [Mitton i in. 1981; Farris, Mitton 1984]. Z drugiej jednak strony Prus-Głowacki [1982] obserwował eliminację heterozygot w kolejnych klasach wiekowych naturalnie odnawiającej się populacji sosny zwyczajnej. Wypada dodać, że wzrost wsobności

w populacji potomnej nie jest regułą. Na klonalnych plantacjach nasiennych drzew iglastych często odnotowuje się ujemne wartości współczynnika  $F$  świadczące o braku wsobności lub wręcz o negatywnym kojarzeniu selektywnym (przewaga kojarzenia niekrewniaczego). Uważa się, że jest to efektem specyficznego rozmieszczenia klonów na plantacji, które w powiązaniu ze zmiennością fenologii kwitnienia może prowadzić do kojarzenia się grup klonów [Burczyk 1998].

Podsumowując należy stwierdzić, że badane populacje potomne prezentują stosunkowo wysoki poziom polimorfizmu genetycznego, porównywalny z populacją rodzicielską. Wydaje się, że pewien nadmiar homozygot w populacjach potomnych nie stanowi problemu, wraz z wiekiem populacji bowiem będzie ulegał on stopniowej redukcji. Można zatem powiedzieć, że z punktu widzenia problematyki ochrony zasobów genowych populacje potomne dobrze odzwierciedlają poziom zmienności genetycznej populacji rodzicielskiej drzewostanu nasiennego i jako materiał siewny mogą stanowić podstawę gospodarczego wykorzystania w procesach zalesiania.

## Podziękowania

Składamy serdeczne podziękowania dr Magdalenie Trojankiewicz oraz dr. Igorowi Chybickiemu za pomoc w realizacji niniejszych badań.

## Literatura

- Boyle T. J. B., Morgenstern E. K. 1986. Estimates of outcrossing rates in six populations of black spruce in central New Brunswick. *Silvae Genetica* 35: 102-106.
- Brown A. H. D. 1979. Enzyme polymorphism in plant populations. *Theoretical Population Biology* 15: 1-42.
- Burczyk J. 1991. The mating system in a Scots pine clonal seed orchard in Poland. *Annales of Forest Science* 48: 443-451.
- Burczyk J. 1998. Systemy kojarzenia drzew iglastych. Wydawnictwo Uczelniane WSP, Bydgoszcz.
- Cheliak W. M. 1985. Mating system dynamics in a Scots pine seed orchards. W: Gregorius H.R. *Population Genetics in Forestry*. Springer Verlag. *Lecture Notes in Biomathematics*: 107-117.
- Cheliak W. M., Pitel J. A. 1984. Techniques for starch gel electrophoresis of enzymes from forest tree species. Information Report, Petatawa National Forestry Institute.
- Conkle M. T., Hodgskiss P. D., Nunnally L. B., Hunter S. C. 1982. Starch gel electrophoresis of conifer seeds. A laboratory manual. USDA Forest Service, General Technical Report PSW-64.
- Dawidziuk J. 2001. Raport o stanie lasów w Polsce. Centrum Informacyjne Lasów Państwowych, Warszawa.
- Dumolin-Lapegue S., Demesure B., Fineschi S., Lecorre V., Petit R. 1997. Phylogeographic structure of white oaks throughout the European continent. *Genetics* 146: 1475-1487.
- Farris M. A., Mitton J. B. 1984. Population density, outcrossing rate, and heterozygote superiority in ponderosa pine. *Evolution* 38: 1151-1154.
- Gulberg U., Yazdani R., Rudin D., Ryman N. 1985. Allozyme variation in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Sweden. *Silvae Genetica* 34: 193-201.
- Hedrick P. W. 2001. Conservation genetics: where are we now? *Trends in Ecology and Evolution* 16: 629-636.
- Jimenez P., Agundez D., Alia R., Gil L. 1999. Genetic variation in central and marginal populations of *Quercus suber* L. *Silvae Genetica* 48: 278-284.
- King R. A., Ferris C. 1998. Chloroplast DNA phylogeny of *Alnus glutinosa* (L.) Gaertn. *Molecular Ecology* 7: 1151-1161.
- Lagercrantz U., Ryman N. 1990. Genetic structure of Norway spruce (*Picea abies*): concordance of morphological and allozymic variation. *Evolution* 44: 38-53.
- Ledig F. T. 1986. Conservation strategies for forest gene resources. *Forest Ecology and Management* 14: 77-90.
- Lewandowski A., Burczyk J., Mejnartowicz L. 1991. Genetic structure and the mating system in an old stand of Polish larch. *Silvae Genetica* 40: 75-79.
- Lewandowski A., Mejnartowicz L. 1990. Genetic control of Polish larch (*Larix decidua* subsp. *polonica* (Racib.) Domin) malate dehydrogenase (E.C. 1.1.1.37) *Genetica Polonica* 31: 217-221.
- Linhart Y. B., Mitton J. B., Sturgeon K. B., Davis M. L. 1981. Genetic variation in space and time in a population of ponderosa pine. *Heredity* 46: 407-426.

- Mejnartowicz L., Bergman F. 1985. Genetic differentiation among Scots pine populations from lowlands the mountains in Poland. W: Gregorius H.S. Population Genetics in Forestry. Lecture Notes in Biomathematics 60.
- Mitton J. B. 1998. Apparent overdominance in natural plant populations. W: Concepts and breeding of heterosis in crop plants. Crop Science Society of America 677: 57-69.
- Mitton J. B., Linhart Y. B., Davis M. L., Sturgeon K. B. 1981. Estimation of outcrossing rates in ponderosa pine, *Pinus ponderosa* Laws., from patterns of segregation of protein polymorphisms and from frequencies of albino seedlings. *Silvae Genetica* 30: 117-121.
- Morgante M., Vendramin G. G., Rossi P., Olivieri A. M. 1993. Selection against inbreds in early life-cycle phases in *Pinus leucodermis* Ant. *Heredity* 70: 622-627.
- Müller-Starck G. 1986. Monitoring genetic variation in forest tree populations. Proceedings of 18th IUFRO World Congress: 589-599.
- Muona O. 1989. Population genetics in forest tree improvement. W: Brown A. H. D., Clegg M. T., Kahler A. L. i Weir B. S. Plant population genetics, breeding, and genetic resources. Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts, USA: 282-298.
- Muona O., Harju A. 1989. Effective population sizes, genetic variability and mating system in natural stands and seed orchards of *Pinus sylvestris* L. *Silvae Genetica* 38: 221-228.
- Muona O., Harju A., Karkkainen K. 1988. Genetic comparison of natural and nursery grown seedlings of *Pinus sylvestris* using allozymes. *Scandinavian Journal of Forest Research* 3: 37-46.
- Muona O., Szmidi A. E. 1985. Multilocus study of natural populations of *Pinus sylvestris*. W: Gregorius H. R. Population Genetics in Forestry. Springer-Verlag. Lecture Notes in Biomathematics: 226-240.
- Muona O., Yazdani R., Rudin D. 1987. Genetic change between life stages in *Pinus sylvestris*: allozyme variation in seed and planted seedlings. *Silvae Genetica* 36: 39-42.
- Neale D. B., Adams W. T. 1985. Allozyme and mating system variation in balsam for (*Abies balsamea*) across a continous elevational transect. *Canadian Journal of botany* 63: 2448-2453.
- Niebling C. R., Johnson K., Gerhold H. D. 1987. Electrophoretic analysis of genetic linkage in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.). *Biochemical Genetics* 25: 11-12.
- Odrzykoski I. 2002. Badania nad zmiennością kosodrzewiny (*P. mugo*) z wykorzystaniem markerów biochemicznych i molekularnych. Wydawnictwo Naukowe UAM, seria Biologia nr 6: 12-13.
- Paule L., Mrazikova M. 1990. Genetic analysis of the Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) progeny from a seed orchard. *Lesnictvi* 36(10): 843-854.
- Plessas M. E., Straus S. H. 1987. Allozyme differentiation among populations, stands and cohorts in Monterey pine. *Canadian Journal of Forest Research* 16: 1155-1164.
- Politov D. V., Krutovskii K. V. 1994. Allozyme polymorphism, heterozygosity and mating system of stone pines. W: Schmidt W.C. i Holtmeier F.K. Proceedings of International Workshop on Subalpine Stone Pines and Their Environment. Ogden, USA.
- Prus-Głowacki W. 1982. Badania nad zmiennością genetyczną w klasach wiekowych naturalnie odnawiającej się populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.). Poznań: Wydawnictwo Naukowe Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza.
- Prus-Głowacki W., Nowak-Bzoway R. 1992. Genetic structure of a naturally regenerating Scots pine population tolerant for high pollution near a zink smelter. *Water, Air and Soil Pollution* 62: 249-259.
- Prus-Głowacki W., Stephan B. R. 1994. Genetic variation of *Pinus sylvestris* from Spain in relation to other european populations. *Silvae Genetica* 43: 7-14.
- Prus-Głowacki W., Stephan B. R., Bujas E., Alia R., Marciniak A. 2003. Genetic differentiation of autochthonous populations of *Pinus sylvestris* (*Pinaceae*) from the Iberian peninsula. *Plant Systematics and Evolution* 239: 55-66
- Rudin D., Eriksson G., Rasmuson M. 1977. Inbreeding in a seed tree stand of *Pinus sylvestris* L. in Northern Sweden. A study by the aid of the isozyme technique. Department of Forest Genetics Research Notes 25: 1-45.
- Shaw D. V., Allard R. W. 1982. Estimation of outcrossing rates in Douglas-fir using isozyme markers. *Theoretical and Applied Genetics* 62: 113-120.
- Szmidi A., Muona O. 1989. Linkage relationship of allozyme loci in *Pinus sylvestris*. *Hereditas* 111: 91-97.
- Szmidi A., Yazdani R. 1984. Electrophoretic studies of genetic polymorphism of shikimate and 6-phosphogluconate dehydrogenases in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.). *Arboretum Kórnickie* 29: 63-72.
- Wang X. R., Szmidi A. E., Lindgren D. 1991. Allozyme differentiation among populations of *Pinus sylvestris* L. from Sweden and China. *Hereditas* 114: 219-226.
- Yazdani R., Lindgren D., Rudin D. 1985a. Gene dispersion and selfing frequency in a seed-tree stand of *Pinus sylvestris* (L.). W: Gregorius H.R. Population Genetics in Forestry. New York, Springer-Verlag. Lecture Notes in Biomathematics: 139-154.
- Yazdani R., Muona O., Rudin D., Szmidi A. E. 1985b. Genetic structure of a *Pinus sylvestris* L. seed-tree stand and naturally regenerated understory. *Forest Science* 31(2): 430-436.
- Yeh F. C., Khalil M. A. K., El-Kassaby Y. A., Trust D. C. 1986. Allozyme variation in *Picea mariana* from Newfoundland: Genetic diversity, population structure and analysis of differentiation. *Canadian Journal of Forest Research* 16: 713-720.



- Yeh F. C., O'Malley D. M. 1980. Enzyme variation in natural populations of Douglas-fir *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco, from British Columbia. Genetic variation patterns in coastal populations. *Silvae Genetica* 29: 83-92.
- Yeh F. C., Yang R. C., Boyle T. 1997. PopGene v. 1.20. Microsoft Windows- based freeware for population genetic analysis. University of Alberta.

## SUMMARY

### Changes of genetic structure between parental and offspring populations in a seed tree stand of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.)

Genetic structure of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in a seed tree stand in the Woziwoda Forest District of the Tuchola Forest was studied using eight isozyme gene loci (Gdh, Aat-1, Aat-2, Mdh-1, Mdh-3, Mdh-4, 6Pgd-2 and Skdh-1). Mean numbers of alleles per locus, effective numbers of alleles per locus, observed heterozygosities and Wright's fixation indices were identified for parental (321 mature trees) and offspring populations (seeds collected from mother trees in the years 1999 and 2001 and seeds collected in seed traps in the years 1999-2001). We found a small reduction of heterozygosity in offspring populations. The reasons and consequences of higher level of Wright's fixation indices for breeding programs are briefly discussed.