

ANNA JAGIELSKA, MAŁGORZATA CWALINA, WIEŚLAW PRUS-GŁOWACKI

## Zmienność genetyczna drzewostanów sosny czarnej (*Pinus nigra*) Arn.

Genetic diversity of the black pine's stands (*Pinus the nigra*) Arn.

### ABSTRACT

Jagielska A., Cwalina M., Prus-Głowacki W. 2007. Zmienność genetyczna drzewostanów sosny czarnej (*Pinus nigra*) Arn. Sylwan 5: 23-31.

The purpose of our study was to analyse genetic diversity, species variability and the levels of genetic variation in 392 trees which come from 15 natural populations and 8 domestic provenances from the Kórnik and Niepołomice provenance trial. Isoenzymes from 12 enzyme systems were examined using starch gel (6 PGD, ACP, DIA, FEST, G6PD, GDH, GOT, IDH, MDH, ME, PGI, SKDH). Among domestic populations, provenance Stary Kraków exhibited the highest level and provenance Wschowa – the lowest level of genetic diversity. The genetic similarity index calculations were based on Nei and Hedrick index. Results were presented as dendograms of genetic distances. The dendograms revealed that the Krosno provenance is genetically similar to ssp. *laricio* while the remaining provenances under analysis may have represented ssp. *austriaca*.

### KEY WORDS

*Pinus nigra*, isoenzymes, genetic diversity

### ADDRESSES

Anna Jagielska – Zakład Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych; Instytut Badawczy Leśnictwa; Sękocin Stary ul. Braci Leśnej 3; 05-550 Raszyn; e-mail: a.jagielska@ibles.waw.pl

Małgorzata Cwalina –  
Daszewice ul. Poznańska 63; 61-160 Poznań; e-mail: gosia.cw@op.pl

Wiesław Prus-Głowacki – Collegium Biologicum Uniwersytet im. Adama Mickiewicza  
ul. Umultowska 89; 61-614 Poznań; e-mail: prusw@amu.edu.pl

## Wstęp

Sosna czarna (*Pinus nigra* Arn.) nie pełni w Polsce tak znaczącej roli lasotwórczej, jak *Pinus sylvestris* (L.). Jednak ze względu na dużą odporność na zanieczyszczenia oraz jako potencjalny producent drewna jest coraz częściej sadzona w uprawach leśnych, w sąsiedztwie zakładów przemysłowych, w miastach, przy drogach i liniach kolejowych [Rachwał 1982]. Jest wytrzymała na działanie silnych wiatrów, niską temperaturę oraz niedostatek wilgoci [Tomanek 1987].

*Pinus nigra* naturalnie występuje w środkowej i południowej Europie oraz Azji Mniejszej. Jest często sadzona poza granicami swojego naturalnego zasięgu [Bugala 2000]. Odnacza się dużą różnorodnością form, nieodgraniczonych wyraźnie od siebie, które są uważane za gatunki, podgatunki, odmiany czy rasy, często te terminy używane są zamiennie. Istnieje wiele poglądów na zasięgi występowania poszczególnych jej taksonów, brak jest ciągle jednolitego poglądu na taksonomię. W literaturze najczęściej wyróżnia się 5 podgatunków:

– *Pinus nigra* ssp. *nigra* – synonimy: *Pinus austriaca* Hoess, *P. nigra* ssp. *austriaca* Aschers, *P. laricio* var. *austriaca* Loud, *P. nigricans*.

- *Pinus nigra* ssp. *salzmannii* (Dun) Franco – synonimy: *P. salzmannii* Dun., *P. laricio* var. *cebennensis* Godr., *P. ssp. cebennensis* (Godr.) Rehd.
- *Pinus nigra* ssp. *pallasiana* Aschers. – synonimy: *P. pallasiana* Lamb., *P. laricio* var. *pallasiana* Ant., *P. nigra* var. *caramanica* Rehd., *P. taurica* Hort.
- *Pinus nigra* ssp. *laricio* (Poir.) More – *P. laricio* Poir.
- *Pinus nigra* ssp. *dalmatica* (Vis).

Zmienność genetyczna jest analizowana przez różnego typu markery: morfologiczne (np. długość igieł), biochemiczne (np. izoenzymy), markery DNA oraz inne (np. fenole) [Puglisi 1995]. Izotypy mają wiele zalet, jeśli chodzi o badanie zmienności genetycznej. Są bezpośrednimi produktami alleli, na ich fenotyp nie ma wpływu środowisko, są proste do zbadania, ich dziedziczenie jest dobrze poznane.

## Materiał i metody

W celu uzyskania obrazu zmienności genetycznej populacji *P. nigra* posłużono się metodą elektroforetycznego rozdziału białek na 11% żelu skrobiowym. Przebadano zmienność 12 układów enzymatycznych (tab. 1), materiałem były pączki zimowe *P. nigra* z doświadczeń proveniencyjnych w Kórniku i Niepołomicach, zebrane w grudniu 2001 (Kórnik) i marcu 2002 (Niepołomice).

W pracy przedstawiono porównanie polskich proveniencji z populacjami z zasięgu naturalnego ssp. *austriaca* (tab. 2). *P. nigra* ssp. *austriaca* jest w Polsce najpowszechniejsza, stąd przypuszczenie, iż analizowane polskie proveniencje reprezentują ten podgatunek. W trakcie prac mających na celu określenie przynależności taksonomicznej analizowano następujące podgatunki z zasięgu naturalnego: *laricio*, *pallasiana*, mieszańiec *nigra+laricio* (tab. 3). Z powodu małej liczebności, spowodowanej słabą przeżywalnością w naszym klimacie, nie były one brane pod uwagę w rozważaniach statystycznych.

Nasiona z naturalnych stanowisk Europy Południowej i Turcji sprowadzono w 1973/1974, a szyszki z drzewostanów krajowych (o nieznanym pochodzeniu) zebrano z losowo wybranych drzew zimą 1972/1973. W każdym drzewostanie usiłowano zebrać szyszki z 10 drzew. Dodatkowo zebrano szyszki z dna lasu. Powierzchnię doświadczalną założono w 1976 roku

Tabela 1.

Wykaz analizowanych loci  
Specification of the analysed loci

Nazwa enzymu	NR E.C	Skrót nazwy enzymu	Analizowane loci
Dehydrogenaza fosfoglikonianowa	1.1.1.44	6 PGD	6 PGD
Fosfataza kwaśna	3.1.3.2	ACP	ACP
Diaforaza	1.6.4.3	DIA	DIA A, DIA B
Esteraza fluorescencyjna	3.1.1.2	FEST	FEST
Dehydrogenaza glukozy-6-fosforanowa	1.1.1.49	G6PD	G6PD
Dehydrogenaza glutaminianowa	1.4.1.3	GDH	GDH
Transaminaza glutaminianowo-szczawiooctanowa	2.6.1.1	GOT	GOT A, GOT B, GOT C
Dehydrogenaza izocytrynianowa	1.1.1.42	IDH	IDH
Dehydrogenaza jabłczanowa	1.1.1.37	MDH	MDH A, MDH C
Dehydrogenaza jabłczanowa NADP zależna	1.1.1.40	ME	ME
Izomeraza fosfoglukoniakowa	5.3.1.9	PGI	PGI A, PGI B
Dehydrogenaza szikimianowa	1.1.1.25	SKDH	SKDH A, SKDH B

Tabela 2.

Pochodzenie nasion *P. nigra* z naturalnych stanowisk i z drzewostanów krajowych wykorzystanych w doświadczeniach proveniencyjnych w Niepołomicach i w Kórniku [Rachwał 1982]

*Pinus nigra* seed provenance from natural sites and domestic stands used in provenance experiments in Niepołomice and Kórnik [Rachwał 1982]

Gatunek i podgatunki	Pochodzenie	Oznaczenie użyte w pracy	Liczba analizowanych osobników	Szer. geogr. pñ.	Dł. geogr. wsch.	Wys. n.p.m. [m]
<i>P. nigra</i> ssp. <i>austriaca</i>	Sargan (Kremna) Jugosławia	1072	22	43°51'	19°32'	1050-1080
<i>P. nigra</i> ssp. <i>austriaca</i>	Klisare (Usce) Jugosławia	1073	41	43°30'	20°37'	700
<i>P. nigra</i> ssp. <i>austriaca</i>	Merkenstein (Bad Voslau) Austria	1152	31	48°00'	16°07'	600
<i>P. nigra</i> ssp. <i>austriaca</i>	LivoWłochy	982	23	46°25'	11°02'	800-1200
<i>P. nigra</i>	Wschowa Wschowa (1)	Wschowa	35	51° 43'	16°12'	80
<i>P. nigra</i>	Stary Kraków Stary Kraków(5)	St.Kraków	33	54°32'	16°31'	2-5
<i>P. nigra</i>	Taczanów Taczanów(6)	Taczanów	32	51°46'	17°53'	140
<i>P. nigra</i>	Lubiń Lubiń(7)	Lubiń	30	51°33'	16°24'	120
<i>P. nigra</i>	Samostrzel Samostrzel (8)	Samostrzel	29	53°03'	17°21'	70
<i>P. nigra</i>	Krosno n. Odrą Krosno n. Odrą (3)	Krosno	32	52°04'	15°00'	40

w Puszczy Niepołomickiej, a powierzchnię kontrolną w Leśnictwie Doświadczalnym Instytutu Dendrologii PAN w Kórniku. Na obydwu powierzchniach posadzono 2-letnie sosny czarne pochodzące z naturalnych stanowisk i z drzewostanów krajowych [Rachwał 1982].

Wyniki uzyskane z rozdziału elektroforetycznego analizowano na podstawie metod statystycznych; wszystkie parametry genetyczno-populacyjne obliczono przy użyciu programu Gen (Nowak – Bzowy, Bzowy, niepublikowane). Obliczono: częstość alleli (A), liczbę alleli na locus (A/L), częstość genotypów, liczbę genotypów na locus (G/L), obserwowaną i oczekiwaną heterozygotyczność ( $H_e$  i  $H_o$ ), współczynnik Wrighta (F). W celu oszacowania zróżnicowania genetycznego został obliczony współczynnik  $G_{ST}$  oraz sporządzone zostały dendrogramy.

## Wyniki

Proweniencje krajowe charakteryzują się większą średnią liczbą alleli (33,66), średnią liczbą alleli na locus (A/L=1,898) niż populacje ssp. *austriaca* z zasięgu naturalnego (średnia liczba alleli 32,50; A/L=1,847) (tab. 4).

Najbogatsza pod względem liczby genotypów jest proveniencja Stary Kraków (55 genotypów; gen/locus=2,667); 45 genotypów zostało rozróżnionych w populacji 1072 ssp. *austriaca* (gen/locus=2,50). Średnia liczba genotypów na locus dla proveniencji krajowych oraz populacji ssp. *austriaca* z zasięgu naturalnego wynosi 2,333 (tab. 4).

Dla ssp. *austriaca* podczas badań stwierdzono następujące allele, wyróżniające ten podgatunek spośród innych: GDH-3, GOT A-3, MDH A-2, MDH C-3, ME-3, SKDH A-3, SKDH A-5,

Tabela 3.

Pochodzenie nasion *P. nigra* z naturalnych stanowisk z doświadczeń proveniencyjnych w Niepołomicach i w Kórniku wykorzystane do określenia podgatunku polskich proveniencji *P. nigra* [Rachwał 1982]

*Pinus nigra* seed provenance from natural sites used in provenance experiments in Niepołomicze and Kórnik to classify of *Pinus nigra* provenances into the taxonomic groups [Rachwał 1982]

Gatunek i podgatunki	Pochodzenie	Oznaczenie użyte w pracy	Liczba analizowanych osobników	Szer. geogr. płn.	Dł. geogr. wsch.	Wys. n.p.m. [m]
<i>P. nigra</i> ssp. <i>laricio</i>	Valdoniello (Korsyka)	1067+	1	42°08'	9°13'	1200-1300
<i>P. nigra</i> ssp. <i>laricio</i>	Altone (Korsyka)	1067+	1	41°58'	9°29'	1200-1300
<i>P. nigra</i> ssp. <i>laricio</i>	Vizzavona (Korsyka)	1067+	1	42°08'	9°08'	1200
<i>P. nigra</i> ssp. <i>laricio</i>	Les Barres Francja	1067+	14			
<i>P. nigra</i> ssp. <i>nigra</i> i ssp. <i>laricio</i>	Villetta Barrea Włochy	980+	13	41°47'	13°59'	1000-1200
<i>P. nigra</i> ssp. <i>nigra</i> i ssp. <i>laricio</i>	Sila di Cosenza Włochy	980+	9	39°24'	16°37'	1300-1600
<i>P. nigra pallasiana?</i>	Hizar (Adana) Turcja	985+	4	37°30'00"	35°17'00"	1250
<i>P. nigra pallasiana?</i>	Golcuk Turcja	985+	5	39°27'12"	28°34'35"	900-1000
<i>P. nigra</i> ssp. <i>austriaca</i>	Hernstein Austria	1151	19	47°54'	16°05'	500
<i>P. nigra</i> ssp. <i>austriaca</i>	Grabenweg Austria	1153	18	47°57'	16°08'	600

liczba analizowanych osobników ssp. *laricio* – 17; ssp. *pallasiana* – 9; ssp. *nigra* + ssp. *laricio* – 22  
number of analysed ssp. *laricio* – 17; ssp. *pallasiana* – 9; ssp. *nigra* + ssp. *laricio* – 22

Tabela 4.

Niektóre genetyczne parametry dla analizowanych populacji *Pinus nigra*

Selected genetic traits for the analysed *Pinus nigra* provenances

Populacje	H <sub>e</sub>	H <sub>o</sub>	F	A	M	A/L	G/L
1072	0,222	0,234	-0,054	35	7	1,944	2,500
1073	0,216	0,196	0,089	31	7	1,778	2,333
1152	0,185	0,176	0,046	32	5	1,833	2,278
982	0,222	0,205	0,074	32	6	1,833	2,222
Średnia	0,211	0,203		32,5		1,847	2,333
Krosno	0,181	0,161	0,109	30	7	1,722	2,222
Lubin	0,210	0,172	0,181	32	6	1,833	2,333
Samostrzel	0,178	0,207	-0,164	29	7	1,611	1,889
Stary Kraków	0,224	0,219	0,023	40	2	2,222	2,667
Taczanów	0,231	0,220	0,046	35	4	2,000	2,444
Wschowa	0,200	0,179	0,106	36	5	2,000	2,444
Średnia	0,204	0,193		33,66		1,898	2,333

H<sub>e</sub> – oczekiwana heterozygotyczność; H<sub>o</sub> – obserwowana heterozygotyczność; F – współczynnik F; A – liczba alleli; M – liczba alleli monomorficznych; A/L – liczba alleli na locus; G/L – liczba genotypów na locus

H<sub>e</sub> – expected heterozygosity; H<sub>o</sub> – observed heterozygosity; F – F coefficient; A – number of alleles; M – number of monomorphic alleles; A/L – number of alleles per locus; G/H – number of genotypes per locus

SKDH B-2. W proweniencji Krosno stwierdzono allel GOT A-3, allel SKDH B-2 w Taczanowie i Wschowie, w proweniencji St. Kraków allele: MDH A-2, ME-3, SKDH A-3 i SKDH A-5, w Lubin allele MDH A-2 i SKDH A-5, a w Taczanowie allele SKDH A-5 i SKDH B-2 (ryc. 1).

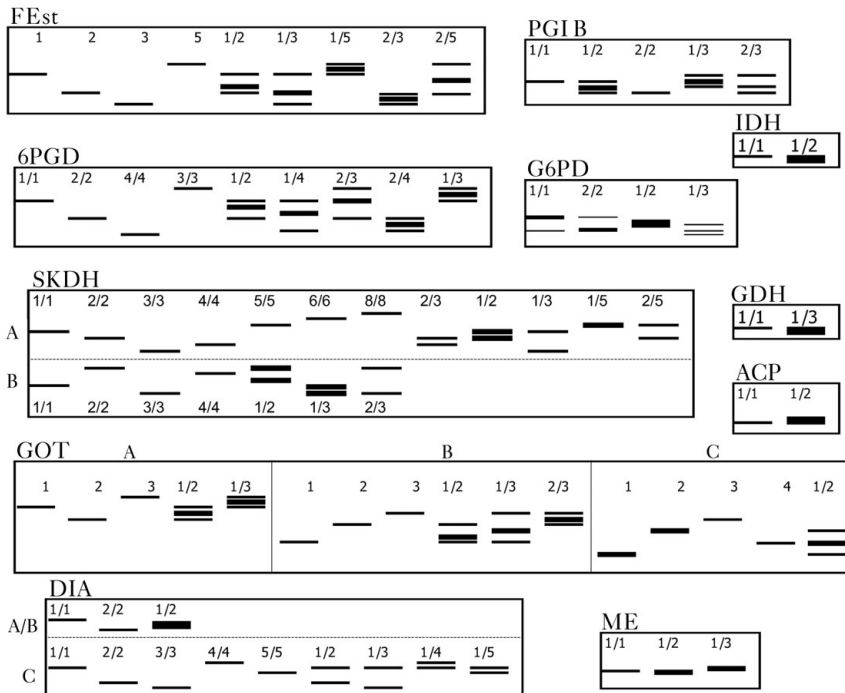
Stwierdzono stosunkowo wysoki poziom zmienności genetycznej. Największą wartość heterozygotyczności oczekiwanej zanotowano w Taczanowie ( $H_e=0,231$ ). Średnia wartość heterozygotyczności oczekiwanej dla populacji ssp. *austriaca* jest większa ( $H_e=0,211$ ) niż dla proweniencji krajowych ( $H_e=0,204$ ). Populacje ssp. *austriaca* charakteryzują się także większą średnią wartością współczynnika  $H_o$  (0,203) niż proweniencje krajowe ( $H_o=0,193$ ). Dla populacji zasięgu naturalnego jak i dla proweniencji krajowych odchylenia pomiędzy  $H_o$  i  $H_e$  są niewielkie (tab. 4).

Współczynnik F wskazuje, że nie wszystkie analizowane populacje znajdują się w stanie równowagi Hardy-Weinberga. Proweniencje: Lubin, Krosno i Wschowa charakteryzują się nadmiarem homozygot, nadmiar heterozygot obserwuje się w proweniencji Samostrzel oraz populacji 1072 z zasięgu naturalnego (tab. 4).

Populacje ssp. *austriaca* oraz proweniencje krajowe charakteryzują się dużą zmiennością genetyczną ( $H_T=0,22$ ), duży jej procent stanowi zmienność wewnątrz populacji. Tylko nieco ponad 7% stanowi zmienność pomiędzy populacjami.

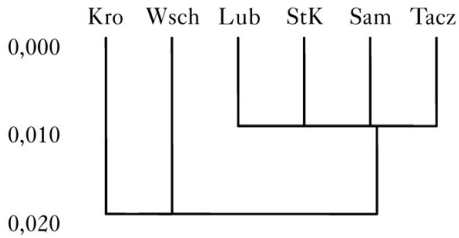
Dla proweniencji krajowych dendrogram oparty o częstość alleli (ryc. 2) ukazuje podobieństwo genetyczne proweniencji: Lubin, Stary Kraków, Samostrzel i Taczanów.

Dendrogram na podstawie częstości genotypów (ryc. 3) ukazuje istnienie 3 grup: 1) obejmuje Krosno i Wschowę, 2) to Lubin i Samostrzel, 3) to Stary Kraków i Taczanów.



Ryc. 1.

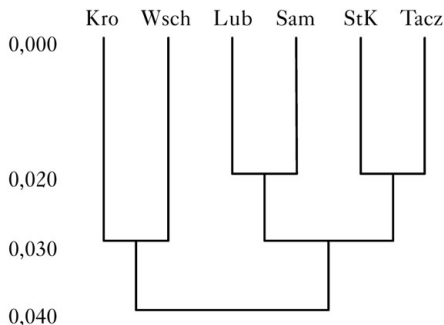
Zymogramy dla analizowanych loci enzymatycznych  
Zymograms for the analysed enzymatic loci



Ryc. 2.

Dendrogram średnich odległości genetycznych pomiędzy badanymi proveniencjami polskimi oparty na częstościach genotypów [Nei 1979]

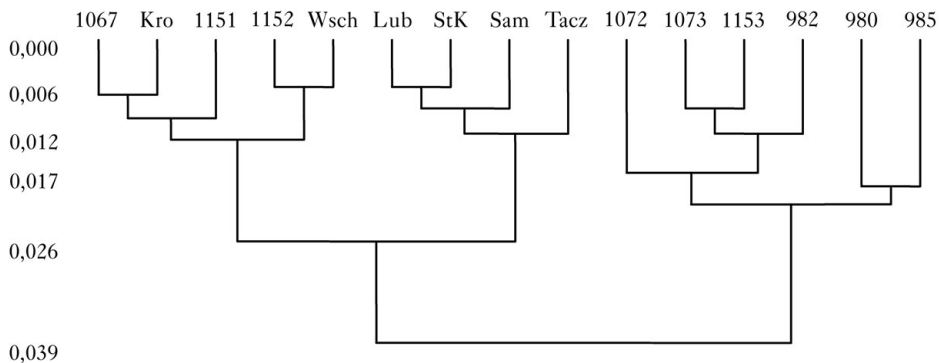
Dendrogram average genetic distances between the analysed Polish provenances based on genotype fragments [Nei 1979]



Ryc. 3.

Dendrogram średnich częstości alleli dla badanych proveniencji krajowych

Dendrogram based on allele frequencies for domestic provenances



Ryc. 4.

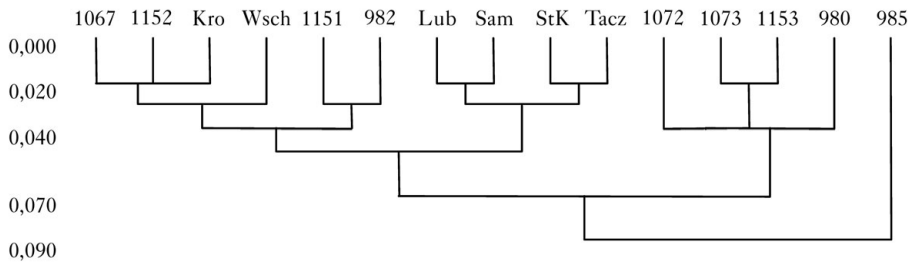
Dendrogram na podstawie częstości alleli (Nei) dla wszystkich badanych populacji *P. nigra*  
 Dendrogram based on allele frequencies (Nei) for all analysed *Pinus nigra* populations

Dendrogramy oparte na częstości alleli (ryc. 4) oraz genotypów (ryc. 5) dla wszystkich analizowanych populacji ukazują podobieństwo powonienności: Lubin, Stary Kraków, Samostrzel i Taczanów. Wschowa wykazuje podobieństwo do ssp. *austriaca* (1152), zaznacza się podobieństwo powonienności Krosno do ssp. *laricio*. Populacje ssp. *pallasiana* i *nigra+laricio* charakteryzują się odrębnością i stanowią odrębną grupę na dendrogramach.

### Dyskusja

Analizowano zmienność allozymów w powonienkach drzewostanów krajowych i w populacjach ssp. *austriaca* z zasięgu naturalnego. Polskie powonienności *P. nigra* nie były wcześniej badane izoenzymatycznie i nie ma innych danych na ten temat. Średnia liczba alleli na locus (A/L) przedstawiona w niniejszej pracy jest zbliżona do otrzymanych przez Scaltsoyianes i in. [1994], dla pięciu europejskich populacji (średnia A/L=2,02). Tolun i in. [1999] dla tureckich populacji otrzymał średnią liczbę alleli na locus A/L=1,60. Wyniki zbliżone przedstawił Çengel i in. [2000] dla populacji z Turcji (A/L=1,67).

Duża różnorodność frekwencji alleli w analizowanych loci pozwoliła na podanie



Ryc. 5.

Dendrogram na podstawie częstości genotypów (Hedrick) dla badanych populacji *Pinus nigra*  
Dendrogram based on genotype frequencies (Hedrick) for all analysed *Pinus nigra* populations

alleli, które mogą być uznane za specyficzne dla poszczególnych podgatunków. Scaltsoyionnes i in. [1994] za specyficzny dla ssp. *austriaca* uznał allel MDH C-3, co zostało potwierdzone w tej pracy. Wykorzystując wyniki naszej pracy można przychylić się ku stwierdzeniu, że analizowane proveniencje krajowe są przedstawicielami ssp. *austriaca*. Jednoznaczne sklasyfikowanie nie jest pewne, gdyż stwierdzono u nich niewiele alleli uznanych przez badaczy za diagnostyczne.

*P. nigra* charakteryzuje się średnim poziomem heterozygotyczności w stosunku do innych iglastych. Populacje z zasięgu naturalnego charakteryzują się wyższym poziomem heterozygotyczności niż proveniencje krajowe. Zbliżone wyniki do naszych uzyskał Scaltsoyionnes i in. [1994] ( $H_o=0,208$ ). Mniejszą wartość ( $H_o=0,151$ ) uzyskał Çengel i in. [2000]. Większą wartości uzyskali Silin i Goncharenko [1996] ( $H_o=0,241$ ) oraz Nikolić i Tucić [1983] ( $H_o=0,272$ ). Różnice w uzyskanych wartościach  $H_o$  wynikają prawdopodobnie z różnej liczby analizowanych loci. Praca ta potwierdza, że *P. nigra* charakteryzuje się wysoką całkowitą zmiennością genetyczną ( $H_T=0,22$ ), duży procent tej zmienności stanowi zmienność wewnątrz populacji, tylko 7% stanowi zmienność pomiędzy populacjami. Taką samą średnią wartość współczynnika  $G_{ST}$  (0,07) zaobserwował w populacjach z Turcji Tolun i in. [1999] ( $H_T=0,23$ ). Zróżnicowanie genetyczne zbliżone do określonego w niniejszej pracy uzyskał Scaltsoyionnes i in. [1993] oraz Çengel i in. [2000]. Wyniosło ono 6%. Większą średnią wartość współczynnika  $G_{ST}$  opisał w swoich pracach Nikolić i Tucić [1983] (0,14) oraz Aguinalde i in. [1997] (0,31). Bardzo małe średnie zróżnicowanie genetyczne między populacjami (2%) zanotowali Silin i Goncharenko [1995], co jest prawdopodobnie wynikiem analizy pięciu bliskich geograficznie i trzech izolowanych populacji z Płw. Krymskiego.

Zmienność genetyczna *P. nigra* jest porównywalna ze zmiennością obserwowaną u innych iglastych [Çengel i in. 2000; Scaltsoyionnes i in. 1993].

Badania izoenzymatyczne dotyczyły niewielkiej liczby proveniencji krajowych, nie obrazują w pełni zróżnicowania *Pinus nigra* na terenie Polski.

## Wnioski

Na podstawie analizy izoenzymatycznej w populacjach sosny czarnej z zasięgu naturalnego i proveniencjach drzewostanów krajowych można stwierdzić:

- Populacje *P. nigra* są zróżnicowane genetycznie, duży procent tej zmienności stanowi zmienność wewnątrz populacji (93%) i tylko 7% stanowi zmienność pomiędzy populacjami.

- W analizowanych proveniencjach drzewostanów krajowych najwyższy poziom zmienności genetycznej i bogactwa genetycznego notuje się w proveniencji Stary Kraków, a najniższy w proveniencji Wschowa
- W przypadku proveniencji drzewostanów krajowych nie można jednoznacznie określić, do jakiego podgatunku należą. Proveniencja Krosno jest zbliżona genetycznie do ssp. *laricio*, pozostałe prawdopodobnie są przedstawicielami ssp. *austriaca*, co należy potwierdzić w dalszych badaniach.

## Podziękowanie

Autorzy serdecznie dziękują pani A. Wojnickiej-Półtorak i pani E. Bujas za pomoc w analizach laboratoryjnych oraz panu L. Rachwałowi za zainteresowanie tematyką i pomoc w uzyskaniu materiału roślinnego.

## Literatura

- Aguinagalde I., Llorente F., Benito C. 1997. Relationships Among five Populations of European Black Pine (*Pinus nigra* Arn.) Using Morphometric and Isozyme Markers. *Silvae Genetica* 46: 1-5.
- Bugała W. 2000. Drzewa i krzewy iglaste. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne Warszawa. 181-183
- Çengel B., Velioglu E., Tolun A. A., Kaya Z. 2000. Pattern and Magnitude of Genetic diversity in *Pinus nigra* Arn. subspecies *pallasiana* Populations from Kazdagi: Implications for in situ Conservation. *Silvae Genetica* 49: 249-255.
- Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
- Nikolić D., Tucić N. 1983. Isoenzyme Variation within and among Populations of European Black Pine (*Pinus nigra* Arnold). *Silvae Genetica* 32: 80-88.
- Puglisi S. 1995. Gene Conservation in Pine species. *Forest Genetics* 2 (3): 145-153.
- Rachwał L. 1982. Doświadczenia proveniencyjne z różnymi gatunkami drzew w Puszczy Niepołomickiej. *Arboretum Kórnickie Rocznik XXVII*. 163-180.
- Scaltsoyiannes A., Rohr R., Panetsos K. P., Tsaktsira M. 1994. Allozyme Frequency distributions in five European Populations of Black pine (*Pinus nigra* Arn.). *Silvae Genetica* 43, 1: 20-30.
- Seneta W. 1981. Drzewa i krzewy iglaste. Państwowe Wydawnictwo Naukowe Warszawa. 406-409.
- Silin A. E., Goncharenko G. G. 1996. Allozyme Variation in Natural Populations of Eurasian Pines. *Silvae Genetica* 45: 67-74.
- Tolun A. A., Velioglu E., Cengel B., Kaya Z. 2000. Genetic structure of Black Pine (*Pinus nigra* Arn. ssp. *pallasiana*). Populations Sampled from the Bolkar mountains. *Silvae Genetica* 49: 113-119.
- Tomanek J. 1980. Botanika leśna. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne Warszawa. 168-169.

## SUMMARY

### Genetic diversity of the black pine's stands (*Pinus the nigra*) Arn.

Because of many doubts related to the taxonomy of *Pinus nigra* and high variability of the species, its genetic diversity is subject to analysis by researches.

To obtain the picture of the genetic structure, as well as the analysis of the levels of genetic diversity in the *Pinus nigra* population, 392 trees from two provenance trials in Kórnik and Niepołomice were examined. The analysis covered the variation of 12 enzymatic systems (Table 3). Results obtained from electrophoretic separation were analysed using statistical methods. In the study, Polish provenances were compared with the populations from the natural range of distribution of ssp. *austriaca* (Table 1). In the course of study aimed at the classification into taxonomic groups, the following subspecies: *laricio*, *pallasiana*, and a hybrid *nigra* × *laricio* were also examined (Table 2).



The dendrograms constructed on the basis of the average allele (Fig. 4) and genotype (Fig. 5) frequencies suggest that the analysed domestic stand provenances may have been representatives of ssp. *austriaca*, except for the Krosno provenance which genetically is similar to ssp. *laricio*.

The analysed European black pine populations are genetically diversified: Most of the genetic diversity (91 %) resides between populations, while only 7% – within-population. For the domestic provenances, the highest genetic variation level is observed in the Stary Kraków provenance, and the lowest in provenance Wschowa.