SYLWAN nr 3: 3-10, 2003

WIESŁAW PRUS-GŁOWACKI, JERZY MODRZYŃSKI

Zmienność izoenzymatyczna niektórych polskich populacji świerka (*Picea abies* (L.) Karst.) z doświadczenia proweniencyjnego IUFRO – 1972

Isozymatic variability in some of the Polish populations of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) in the IUFRO – 1972 provenance trial

ABSTRACT

Genetic differentiation of nine Polish Norway spruce populations, expressed by their isozymatic polymorphism, is presented. The results suggest a presence of two gene pools, one in north-eastern, another in southern Poland.

KEY WORDS

Norway spruce, Polish populations, isozymes, genetic differentiation, provenance trial IUFRO-1972

Wstęp

Badania struktury genetycznej świerka pospolitego (*Picea abies* (L.) Karst.) prowadzone były przez wielu badaczy. Wśród tych prac badania Lagerkranza i Rymana [1990], Liesebacha i współautorów [1992], Gomory i Paulego [1993] były najbardziej kompleksowe i obejmowały największą liczbę populacji, a także dotyczyły dużej liczby loci enzymatycznych. Prezentowały one zmienność izoenzymatyczną od 20 do 30 populacji z zasięgu tego gatunku. Niektóre prace obejmowały także populacje z Polski, jednakże pomijały one pewne interesujące aspekty związane z biogeografią i ekologią tego drzewa w Polsce. Pod tym względem postglacjalna historia *Picea abies* w Europie i drogi rekolonizacji tego obszaru po ustąpieniu lodowca przedstawiają się szczególnie interesująco w zestawieniu z obecnym zróżnicowaniem genetycznym populacji świerka.

Według Schmidt-Vogta [1974, 1977] świerk pospolity kolonizował północną Polskę z refugiów lodowcowych w centralnej Rosji, a południową część kraju z refugiów w Karpatach Wschodnich. Rozprzestrzenianie się pul genowych tego gatunku z refugiów lodowcowych po ustąpieniu lodowca i krzyżowanie się dróg migracji wpłynęło niewątpliwie na ukształtowanie struktury genetycznej polskich populacji świerka. Tak zwana dysjunkcja środkowo-polska przedstawia inny interesujący problem związany z rozmieszczeniem świerka w Europie. Niektórzy autorzy prezentują opinię, że dysjunkcja jest wtórnym zjawiskiem związanym z działalnością człowieka [Chylarecki i Giertych 1969, Środoń 1977, Ralska-Jasiewiczowa 1983]. Inni są zdania, że dysjunkcja ma podstawy w polodowcowych drogach migracji świerka i zwią-

WIESŁAW PRUS-GŁOWACKI
Wydział Biologii, Zakład Genetyki
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza
ul. Międzychodzka 5
60-371 Poznań
prusw@amu.edu.pl

JERZY MODRZYŃSKI
Wydział Leśny, Katedra Hodowli Lasu
Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego
ul. Wojska Polskiego 69
60-625 Poznań
jerzymod@owl.au.poznan.pl

zana jest z niekorzystnymi warunkami ekologicznymi dla tego drzewa w środkowej Polsce [Schmidt-Vogt 1974, 1977].

Południowy zasięg świerka w Polsce związany jest głównie z Sudetami i Karpatami, gdzie jego występowanie w szerokim gradiencie wysokościowym wiąże się ze znacznym zróżnicowaniem tego gatunku jeżeli chodzi o adaptacje fenotypowe i genotypowe [Bergmann 1978, Modrzyński 1993, 1995, Oleksyn i in. 1997]. Wspomniane tutaj zjawiska pozostają w dalszym ciągu niejasne z genetycznego punktu widzenia, szczególnie w mikroskali poszczególnych pasm górskich.

Szeroko rozumiana działalność ludzka jest także istotnym czynnikiem kształtującym specyficzną pulę genową populacji przez introdukcję materiału obcego pochodzenia, praktyki hodowlano-leśne jak również selekcyjne działanie zanieczyszczeń przemysłowych. Z jednej strony niektóre działania człowieka mogą wzbogacać pule genowe lokalnych populacji, z drugiej jednak strony skażenie przemysłowe i aktywność związana z hodowlą lasu prowadzić mogą do erozji puli genowej gatunku [Scholz i Bergmann 1984, Gregorius i in. 1985, Scholz 1986, Bergmann i Scholz 1987, Prus-Głowacki i Godzik 1995].

Celem niniejszej pracy było określenie struktury genetycznej i wzajemnych relacji taksonomicznych dziewięciu populacji świerka pochodzących z północnej, nizinnej części zasięgu tego gatunku oraz z południowych, górskich regionów kraju. Badane populacje stanowią część międzynarodowego doświadczenia IUFRO – 1972 obejmującego 20 polskich populacji świerka.

Niniejsza praca opiera się w dużej mierze na naszej poprzedniej publikacji [Modrzyński i Prus-Głowacki 1998] i jest rozwinięciem referatu wygłoszonego na Konferencji Naukowej IBL „Genetyczna i hodowlana wartość polskich populacji świerka z zasięgu północno-wschodniego" Augustów, Knyszyn, Czarna Białostocka 21-23 czerwca 1999.

Materiał i metody

Pochodzenia badanych populacji przedstawia tabela 1. Szczegółowe dane dotyczące zastosowanych procedur elektroforetycznych, ekstrakcji enzymów z makrogametofitów oraz specyficznego barwienia jak również metod statystycznych opisujących strukturę genetyczną badanych populacji, przedstawiono na podstawie procedur opisanych przez Concle i współautorów [Conckle i in. 1982] w pracy Modrzyńskiego i Prus-Głowackiego [1998]. Badano zmien-

Tabela 1.

Dane o pochodzeniu badanych populacji świerka pospolitego oraz skróty nazw populacji, stosowane w pracy

Information about the origin of the investigated populations of Norway spruce and abbreviations of population names used in the paper

Nr populacji	Skrót	Nadleśnictwo	Leśnictwo	Szerokość i długość geograficzna		Położenie npm (m)
1	ZW	Zwierzyniec	Pogorzelce	52°48'	23°47'	160
2	NR	Nowe Ramuki	Przykop	53°41'	20°34'	160
8	MI	Międzygórze	Wodospad	50°13'	16°45'	580
10	WI	Wisła	Malinka	49°38'	18°53'	710
12	IS	Istebna	Zapowiedź	49°32'	18°58'	600
14	RY	Rycerka	Praszywka	49°29'	19°00'	700
16	OR	Orawa	Sokoliki	49°34'	19°33'	1050
18	TA	Tarnawa	Stańcowa	49°05'	22°52'	750
20	BL	Bliżyn	Świnia Góra	51°04'	20°41'	310

ność 30 następujących loci enzymatycznych: akonitaza (ACO) E.C. 4.2.1.3. -1 locus, kwaśna fosfataza (ACP) E.C. 3.1.3.2. -2 loci, dehydrogenaza alaninowa (ALA) E.C. 4.1.1.1.- 1 locus, aldolaza (ALD) E.C. 4.1.2.13. -1 locus, beta-galaktozydaza (βGAL) E.C. 3.2.1.22. -1 locus, fruktozo- 1,6 dwufosfataza (FDP) E.C. 3.1.3.11.- 2 loci, katalaza (CAT) E.C. 1.11.1.6. -1 locus, esteraza flourescencyjna (FEST) E.C. 3.1.1.1. -1 locus, fumaraza (FUM) E.C. 4.2.1.2.- 1 locus, aminotransferaza asparaginianowa (GOT) E.C. 2.6.1.1. - 3 loci, dehydrogenaza izocytrynianowa (IDH) E.C. 1.1.1.42. - 2 loci, leucynylo aminopeptydaza. (LAP) E.C. 4.4.1.1. 2 loci, dehydrogenaza jabłczanowa (MDH) E.C. 1.1.1.37. - 4 loci, reduktaza menadionowa (MNR) E.C.- 1 locus, fosfoglukoizomeraza (PGI) E.C. 5.3.1.9. - 2 loci, fosfoglukomutaza (PGM) E.C. 2.7.5.1. - 2 loci, glukozo-6-fosforanowa izomeraza (6PGI) E.C. 5.3.1.9. - 1 locus, urydyno-5-glukozo pirofosfataza (UGPP) E.C. 2.7.7.9. - 1 locus, dehydrogenaza szkimianowa (SKDH) E.C.1.1.1.25. - 1 locus.

Na podstawie częstości alleli i genotypów określono następujące parametry genetyczne populacji - średnią liczbę alleli i genotypów na locus (A/L i G/L) heterozygotyczność (H_O i H_e), podobieństwa i odległości genetyczne, współczynniki wsobności (F) oraz zróżnicowanie genetyczne wewnątrz populacji (DST) i między populacjami (GST).

Wyniki

Analizy izoenzymatyczne zmienności 30 loci wykazały u badanych dziewięciu populacji świerka pospolitego obecność 106 alleli. Największą liczbę alleli zanotowano dla locus ACP1 oraz IDH1. Niektóre z badanych loci były monomorficzne. Największą liczbę polimorficznych loci zanotowano dla populacji z Międzygórza, Wisły, Istebnej i Rycerki, najmniejszą dla populacji z Nowych Ramuk (tab. 2).

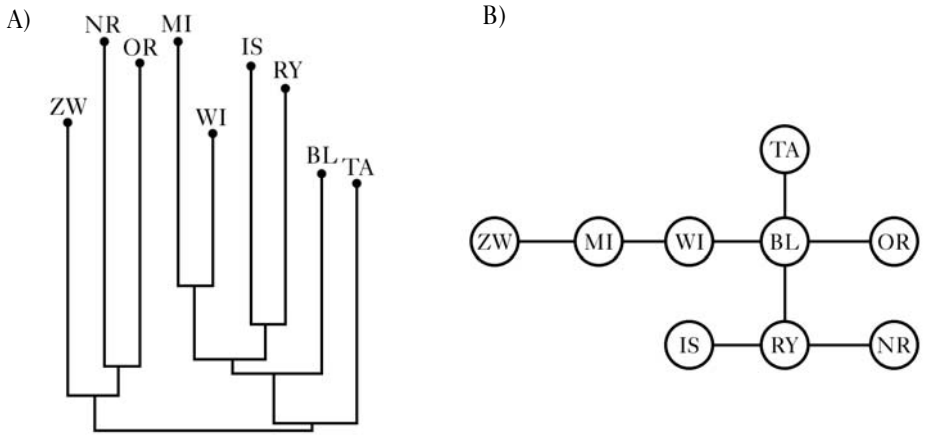
Średnia liczba alleli na locus, obrazująca bogactwo genetyczne populacji waha się od 2,13 w populacji z Nowych Ramuk do 2,47 w populacji z Wisły. Cechujące się także wysoką średnią liczbą alleli na locus to populacje górskie z Istebnej i Międzygórza -2,40 A/L (tab. 2). Poziom zmienności genetycznej określany heterozygotycznością był w badanych populacjach zróżnicowany. Najniższy poziom tego wskaźnika (H_O) notuje się dla dwóch populacji z pół-

Tabela 2.

Niektóre parametry genetyczne badanych populacj świerka pospolitego: H_B – średnia heterozygotyczność (estymacja obciążona), H_O – heterozygotyczność obserwowana, A/L – średnia liczba alleli przypadająca na locus, F – indeks fiksacji, S_E – błąd standardowy

Selected genetic parameters of the investigated populations of Norway spruce: H_B – mean heterozygosity (biased estimation), H_O – observed heterozygosity, A/L – mean number of alleles per locus, F – fixation index, S_E – standard deviation

	Populacja	H_B	S_E	H_O	S_E	A/L	S_E	F	Kryterium polimorficz.	
									95%	99%
1	Zwierzyniec	0,205	0,037	0,185	0,034	2,33	0,23	0,115	56,67	73,33
6	Nowe Ramuki	0,198	0,042	0,106	0,042	2,13	0,24	0,030	43,33	60,00
8	Międzygórze	0,224	0,041	0,212	0,039	2,40	0,23	0,070	66,67	80,00
10	Wisła	0,231	0,042	0,230	0,042	2,47	0,25	0,021	63,33	76,67
12	Istebna	0,226	0,036	0,228	0,037	2,40	0,23	0,008	63,33	80,00
14	Rycerka	0,203	0,038	0,210	0,041	2,33	0,18	-0,014	53,33	83,33
16	Orawa	0,209	0,038	0,213	0,040	2,27	0,22	0,000	56,67	66,67
18	Tarnawa	0,216	0,040	0,234	0,044	2,17	0,18	-0,063	56,67	70,00
20	Bliżyn	0,200	0,036	0,202	0,036	2,20	0,21	0,010	60,00	70,00
	Średnio	0,212		0,212		2,30			57,78	73,33



Ryc. 1.

Pokrewieństwa genetyczne badanych populacji. A – dendrogram oparty na częstości genów, B – dendryt skonstruowany na podstawie metody najbliższego sąsiedztwa (Swofford i Selander 1981)

Genetic similarities of the investigated populations. A – dendrogram based on gene frequency, B – dendrite constructed using the nearest neighbourhood method (Swofford and Selander 1981)

nocno-wschodniej Polski Nowych Ramuk i Zwierzyńca (odpowiednio 0,196 i 0,185). O 20 procent większą heterozygotyczność obserwuje się dla populacji górskich z Wisły i Istebnej (0,230 i 0,228). Średnia wartość heterozygotyczności dla całej grupy wynosi 0,212 (tab. 2). Współczynnik wsobności F [Wright 1965] mówiący o tym czy badane populacje są w stanie równowagi genotypowej, wskazuje na równowagę Hardy-Weinberga u większości z wyjątkiem populacji ze Zwierzyńca, gdzie obserwuje się znaczny nadmiar homozygot.

Zróżnicowanie genetyczne wewnątrz populacyjne (DST) jest stosunkowo małe i wynosi 0,008, natomiast miedzy populacjami (GST) dla całej badanej grupy wynosi 0,063.

Wynik analizy grupowań wg Cavali-Sforza i Edwardsa [Swofford i Selander 1981] pokazuje rycina 1. Populacje ze Zwierzyńca, Nowych Ramuk i Orawy tworzą jedną grupę, mocno zróżnicowaną genetycznie w porównaniu z pozostałymi populacjami. Populacje z Beskidów (Wisła, Istebna i Rycerka) tworzą drugą grupę do której nawiązuje populacja z Międzygórza w Sudetach. Populacje Tarnawa z Bieszczadów i Bliżyn z Gór Świętokrzyskich nawiązują jedynie luźno do populacji z Beskidów i Sudetów. Najbardziej odległa od całości jest populacja z Tarnawy.

Dyskusja i wnioski

Procent loci polimorficznych w populacjach użyty jako miara ich zróżnicowania genetycznego wskazuje, że populacje nizinne posiadają mniejszą liczbę loci polimorficznych niż populacje z rejonów górskich. Jest to szczególnie wyraźne przy kryterium polimorficzności na poziomie 0,95 (tab. 2). Taki wzór zmienności może być odbiciem zróżnicowania ekologicznego populacji górskich zasiedlających różne łańcuchy górskie. Obliczone parametry genetyczne mieszczą się w zakresach tych parametrów podawanych przez innych autorów dla innych populacji tego gatunku. Średnia heterozygotyczność obserwowana H_O dla badanych dziewięciu polskich populacji wynosiła 0,212 (minimum 0,185, maksimum 0,234). Wartość ta jest bardzo bliska obserwowanej populacji z Finlandii podawanej przez Muonę i współautorów [1987]. Z drugiej strony

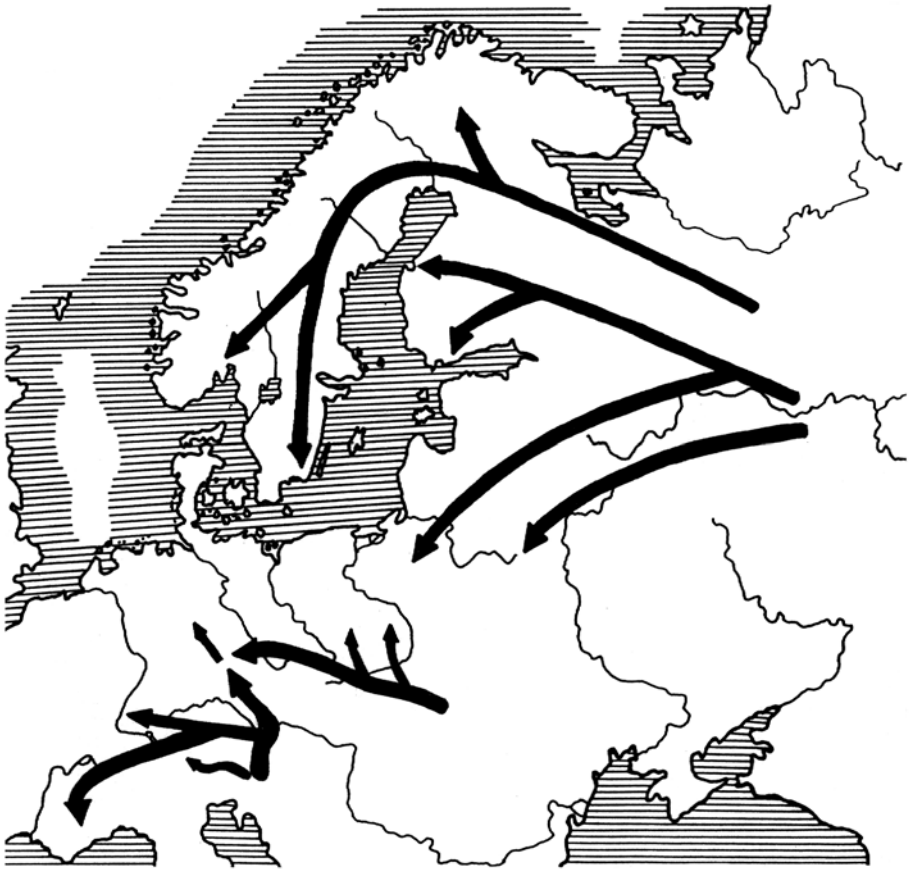
Goncharenko i współautorzy [1993] oraz Krutowski i Bergmann [1993] określili średnią wartość H_O na 0,185 dla pięciu populacji łotewskich i 0,254 dla sześciu populacji z innych regionów Europy od Centralnej Rosji do Niemiec i Szwecji. Pod tym względem nasze wskaźniki dla 30 loci są nieco mniejsze niż ustalili to dla populacji z szerokiego zasięgu Krutowski i Bergmann [1993], lecz nieco większe niż te obserwowane dla populacji z Łotwy. Giannini i inni współautorzy [1991] badając zmienność 17 loci enzymatycznych w dziewięciu populacjach z północnych Włoch uzyskali stosunkowo małą średnią wartość H_O=0,179, natomiast Gomory i Paule [1993] wykazali znacznie większe wartości H_O dla populacji świerka ze Słowackich Karpat – 0,270 i 0,400 dla dziesięciu i piętnastu loci polimorficznych. Autorzy ci tłumaczą wysoką heterozygotyczność polodowcową historią świerka na Słowacji, który pochodzi z większej liczby lodowcowych refugiów z południowych Karpat i Rumunii. Wysoka wartość heterozygotyczności słowackich populacji może być także wynikiem uwzględnienia w analizach jedynie loci polimorficznych. Tylko locus GOT A był monomorficzny w niektórych populacjach. Nasze badania wykazały bardzo zbliżone wartości Ho dla bliskich sobie geograficznie populacji z północno-wschodniej Polski i Łotwy (H_O=0,185 i H_O=0,196), lecz mniejsze w polskich populacjach górskich niż w populacjach słowackich.

Średnia liczba alleli na locus wykazała w tym względzie znaczne podobieństwo populacji łotewskich i północno-polskich (2,26 i 2,3 allela na locus). W populacjach włoskich obserwuje się ogólnie mniejszą liczbę alleli na locus (między 1,66 do 2,04 – średnio 1,83). Podobny wzór zmienności genetycznej populacji z północno-wschodniej Polski i Łotwy może być wynikiem ich wspólnego postglacjalnego pochodzenia i zbliżonych warunków klimatycznych [Chylarecki i Giertych 1969, Schmidt-Vogt 1974].

Wewnątrz populacyjne zróżnicowanie genetyczne populacji polskich jest stosunkowo małe, (DST=0,008) podczas gdy indeks zróżnicowania między populacyjnego GST jest relatywnie wysoki i dla populacji górskich osiąga wartość 0,061, a dla górskich i niżowych traktowanych razem równa się 0,063.

Wskaźnik ten jest znacznie większy od wartości uzyskanych przez Goncharenkę i współautorów [1993] dla populacji świerka z Łotwy ze stosunkowo małego obszaru geograficznego (0,018). Dla włoskich populacji tego gatunku wartości uzyskane przez Gianniniego i współautorów [1991] były większe (0,042) niż dla populacji litewskich, lecz mniejsze od tych uzyskanych dla populacji polskich. Badania [Krutowski i Bergmann 1993] dotyczące populacji świerka z szerokiego zasięgu od Niemiec do Centralnej Rosji wykazały wartość wskaźnika GST o 2% większą (0,084) od wartości dla populacji z Polski. Znaczne zróżnicowanie między populacyjne świerka, wykazane w naszej pracy, wiąże się przypuszczalnie z postglacjalnymi migracjami tego gatunku z różnych ostoi polodowcowych na tereny północno-wschodniej i południowej Polski. Sześć z badanych przez nas populacji pozostaje w równowadze Hardy-Weinberga podczas gdy trzy pozostałe (Zwierzyniec, Międzygórze i Nowe Ramuki) wykazują nadmiar homozygotyczności, szczególnie duży dla populacji ze Zwierzyńca. Populacja z Tarnawy odnacza się podwyższonym poziomem heterozygotyczności (tab. 2).

Pokrewieństwo genetyczne badanych populacji wskazuje na określoną zależność geograficzną. Trzy z populacji wykazują znaczną odrębność w stosunku do pozostałych i znaczne zróżnicowanie między sobą. Grupa ta zawiera dwie populacje niżowe (Nowe Ramuki i Zwierzyniec) oraz wysokogórską populację z Orawy. Pozostałe górskie populacje tworzą dwie spokrewnione grupy. Taki układ podobieństw genetycznych sugeruje istnienie dwóch pul genowych; jednej w północnej części kraju i drugiej na południu zróżnicowanej na dwie podgrupy, uformowanych w okresie polodowcowych migracji świerka z ostoi glacjalnych (ryc. 2).



Ryc. 2.
Drogi migracji świerka z ostoi glacjalnych po ostatnim zlodowaceniu (Schmidt-Vogt 1977)
Routs of spruce migration during the last glaciation (Schmidt-Vogt 1977)

Podobieństwa genetyczne grup populacji mogą wynikać z ich wspólnego pochodzenia, lecz nie można tu wykluczyć innych czynników mogących mieć wpływ na pule genowe tych populacji. Jednym z takich czynników może być efekt intensywnego przepływu genów między bliskimi sobie populacjami górskimi i upodobnienie się w ten sposób ich struktury genetycznej. Innym czynnikiem mogącym mieć tu znaczenie są podobne warunki ekologiczne, kształtujące (przez procesy selekcyjne) pule genowe w podobny sposób. Efekt taki może mieć miejsce także w przypadku introdukcji materiału genetycznego obcego pochodzenia z innych części Europy [Modrzyński 1991, 1993]. W przypadku badanych populacji brak dokumentacji czy są one rodzime, czy też obcego pochodzenia, trudno więc jednoznacznie określić, który z omawianych czynników kształtował w decydujący sposób pule genowe tych populacji. Pod tym względem wyraźna odrębność populacji z Orawy występującej najwyżej (1050 m n.p.m.), w stosunku do innych populacji górskich jest szczególnie interesująca, gdyż nawiązuje ona do populacji z północnej Polski. Ta genetyczna odrębność wysokogórskiej populacji z Orawy i jej podobieństwo do populacji niżowych może być wynikiem podobnych warunków klimatycznych w górach i na północy Polski. Według Czarnowskiego [1993], 100 m różnicy wysokościowej odpowiada 100 km prze-

sunięcia na północ. Z drugiej jednak strony nie można wykluczyć wspólnego sztucznego pochodzenie populacji z Orawy i północnej Polski i późniejszego dalszego ich różnicowania.

Dendryt ilustrujący pokrewieństwo genetyczne badanych populacji oparty na metodzie najbliższego sąsiedztwa pokazuje specyficzną, pośrednią pozycję populacji z Bliżyna w Górach Świętokrzyskich (ryc. 1). Także pozostałe parametry genetyczne potwierdzają pośrednią pozycję tej populacji. O ile jest ona rodzima, wówczas rejon Bliżyna można by uznać za rejon mieszania się pul genowych z północy i południa zasięgu, podczas migracji polodowcowych [Chylarecki i Giertych 1969].

Nasze wstępne wyniki na temat zróżnicowania genetycznego świerka wykazały znaczne zróżnicowanie tego gatunku w Polsce. Planuje się dalsze badania na znacznie większym materiale w celu bardziej szczegółowego określenia charakteru tego zróżnicowania.

Podziękowania

Jeden z autorów (J.M.) jest wdzięczny profesorowi W. Libby'iemu za opiekę w czasie stażu w USA (stypendium IREX), doktorowi M.T. Conckle'owi za udostępnienie laboratorium do analiz izoenzymatycznych i cenne rady, a panu Ch. Niebling'owi za wszechstronną pomoc techniczną.

Literatura

Bergmann F., 1978. The allelic distribution at an acid phosphatase locus in Norway spruce (*Picea abies*) along similar climatic gradients. Theor.Appl.Genet. 52: 57-64.

Bergmann F., Scholz F. 1987. The impact of air pollution on the genetic structure of Norway spruce. Silvae Genetica 36: 80-83.

Chylarecki H., Giertych M. 1969. Variabiliy of *Picea abies* (L.) Karst. cones in Poland. Arboretum Kórnickie XIV: 39-70.

Conckle T. M., Hodgkiss P .D., Nunnally Z. B., Hunter S. C. 1982. Starch gel electrophoresis of conifer seeds: a laboratory manual. Pacific South-West and Range Experimental Station. Berkeley, California, 1-17.

Czarnowski M. S. 1993. Biomass production in forest stands of Norway spruce in danger region of the Sudety Mountains. Sylwan 8: 75-78.

Giannini R., Morgante M., Vendramin G. G. 1991. Allozyme variation in Italian populations of *Picea abies* (L) Karst. Silvae Genetica 40: 60-65.

Gomory D., Paule L. 1993. Isoenzyme polymprphism in Norway spruce (*Picea abies* Karst.) from Slovak Carpathians. Proc. Norway spruce provenances and breeding. IUFRO S2. 2-11 Symposium, Latvia, Riga 1993, 60-68.

Goncharenko G., Potenko V., Zadeika I., Brigelis J. 1993. Isozymes structure of Norway spruce stands in Latvia. Proc. Norway spruce provenances and breeding. IUFRO S2. 2-11 Symposium, Latvia, Riga 1993, 50-60.

Gregorius H-R., Hattemer H. H., Bergmann F. 1985. Umweltbelastung und Ampassungsfahigkeit von Baumpopulationen. Silvae Genetica 34: 230-241.

Krutowski K. U., Bergmann F. 1993. Genetics variation of Norway and Siberian spruce species and their zone of introgerssive hybridization studied by isoenzyme loci. Proc. Norway spruce provenances and breeding. IUFRO S2.2-11 Symposium Latvia Riga 1993, 93-100.

Lagerkranz K., Ryman N. 1990. Genetic structure of Norway spruce (*Picea abies*) : concordance of morphological-mand allozymic variation. Evolution 44: 38-53.

Liesebach M., Von Wuehlisch G., Krusche D., Muhs H.J. 1992. Genetic variation in Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) of different geographic regions. Proc. Berichte Competes Rendus Actas, Centennial Berlin-Eberswalde, Germany, 31 Aug.-4sept. 1992, 382.

Modrzyński J. 1991. Zagospodarowanie lasów górskich. Synteza. Raport CPBP 10.200 Kraków, 1991, 56-66.

Modrzyński J. 1993. The question of foreign origin of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) in the Sudetic Mts. Proc. Norway spruce provenance and breeding. IUFRO S 2.2.11. Symposium, Latvia Riga 1993. 105-110.

Modrzyński J. 1995. Altitudinal adaptation of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) progenies indicates small role of introduced populations in the Karkonosze Mountains. Silvae Genetica 44: 70-75.

Modrzyński J., Prus-Głowacki W. 1998. Isoenzymatic variability in some Polish populations of Norway spruce (*Picea abies*) in the IUFRO - 1972 provenance trial. Acta Soc.Bot. Polon. 67: 75-82.

Mouna O., Yazdani R., Lundquist G. 1987. Analysis of linkage in *Picea abies.* Hereditas 106: 31-36.

Oleksyn J., Modrzyński J., Tjoelker M. G., Żytkowiak R., Reich P. B., Karolewski P. 1997. Growth and physiology of *Picea abies* populations from elevarional transect : common garden evidence for altitudinal ecotypes and cold adaptation. Functional Ecology 12: 573-590.

Prus-Głowacki W., Godzik S. 1995. Genetic structure of *Picea abies* trees tolerant and sensitive to industrial pollution. Silvae Genetica 44: 62-65.

Ralska-Jasiewiczowa M., 1983. Isopollen maps for Poland 0-11000 years B.P. New Phytol. 94, 133-175.

Schmidt-Vogt H. 1974. Das Naturlische Verbreitung der Fichte (*Picea abies* (L.) Karst.) in Eurasien. Allg.Forst and Jagdztg. 10/11: 185-197.

Schmidt-Vogt H. 1977. Die Fichte. B.d. I Paul Parey, Hamburg, Berlin 647 pp

Scholz F., Bergmann F. 1984. Selection pressure by air pollution as studied by isozyme - gene systems in Norway spruce exposed to sulphur dioxide. Silvae Genetica 33: 238-241.

Scholz F. 1986. Genetic effect of air pollution. Proc. 18-th World Congress, Ljubliana, vol.1: 286-284.

Swofford D. L., Selander R. B. 1981. Biosys 1. A Fortran progrem for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. J. Hered. 72: 281-283.

Środoń A. 1977. Świerk w historii naszych lasów. Świerk pospolity - *Picea abies* (L.) Karst. PWN, Warszawa, Poznań, 7-19.

Wright S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution 19: 395-420.

SUMMARY

Isozymatic variability in some of the polish populations of Norway spruce (*Picea abies* L. Karst) in the IUFRO – 1972 provenance trial

The isozymatic studies performed on nine *Picea abies* L. Karst populations from Poland, indicated considerable genetic variation among investigated stands. Genetic similarities have demonstrated a clear pattern of geographicall variability. Three of the nine studied populations (Zwierzyniec, Nowe Ramuki i Orawa) have shown markedly diverse characteristics compared to the remaining populations. The mountain populations have formed one group with two related subgroups. The mean number of alleles per locus and level of heterozygosity for the lowland populations are within the range of these parameters for other Norway spruce populations from Finland and Latvia. The populations from the Carpathians and the Sudety mountains are genetically more polymorphic than others. This pattern of genetic variations suggests the presence of two gene pools, one in southern, the other in northern Poland, formed during the glacial periods and differentiated in southern Poland into two subgroups.