

**Usuwanie liści zasiedlonych przez szrotówka kasztanowcowiaczka
Cameraria ohridella Deschka et Dimić jako metoda ochrony
kasztanowca zwyczajnego *Aesculus hippocastanum* L.**

Barbara Głowacka,

*Zakład Ochrony Lasu, Instytut Badawczy Leśnictwa,
ul. Bitwy Warszawskiej 1920 r. nr 3, 00-973 Warszawa*

1. Wstęp

W ostatnim dziesięcioleciu w większości krajów europejskich prowadzone są badania nad metodami ochrony kasztanowców przed szrotówką kasztanowcowiaczką. Nie znaleziono jednak dotychczas skutecznych sposobów i nie należy oczekiwać, że w najbliższej przyszłości problem przedwczesnego zasychania i opadu liści kasztanowców zostanie rozwiązany. Ponieważ szrotówek nie ma wyspecjalizowanych wrogów naturalnych, którzy mogliby regulować jego liczebność i charakteryzuje się zdolnością do gwałtownego rozprzestrzeniania, a jego stadia larwalne mają skryty tryb życia w minach wewnątrz liści, celem strategii ochronnych może być raczej ograniczenie uszkodzeń liści niż wyeliminowanie szrotówka jako szkodnika drzew ozdobnych.

Dotychczasowe próby ochrony kasztanowców wskazują, że najprostszą metodą redukcji liczebności szrotówka jest jesienne wygrabianie spod drzew liści z diapauzującymi poczwarkami szkodnika i niszczenie ich lub kompostowanie. Usuwanie liści jest szczególnie skuteczne w przypadkach pojedynczo rosnących kasztanowców, w miejscach, gdzie powierzchnia gleby nie jest porośnięta trawą, roślinami okrywowymi lub chwastami. Im dokładniej zostaną usunięte liście porażone przez szrotówka, tym dłużej kasztanowce w roku następnym pozostaną zielone.

We Włoszech Pavan i in. (2003) stwierdzili, że prawie całkowite usunięcie liści jesienią spowodowało spadek uszkodzenia koron drzew o 90% w początkach czerwca, o 75% w końcu lipca i o 30% w końcu

sierpnia w roku następnym. W Niemczech Niesar i in. (2002) stwierdzili, że dokładne jesienne usunięcie liści zredukowało o 97% poziom wiosennych uszkodzeń kasztanowców, a Arnold i Sengonca (2002) wykazali, że w przypadku przykrycia zgrabionych liści grubą warstwą ziemi, wylęgające się z poczwarek motyle nie są w stanie wyjść na powierzchnię. W Polsce Kukuła i in. (2002) liczyli motyle na pniach kasztanowców, pod którymi w poprzednim roku jesienią usunięto zasiedlone liście. Średnio na 400 cm² powierzchni pnia drzew, wokół których zgrabiono liście i drzew kontrolnych, stwierdzono obecność odpowiednio 17 i 200 motyli.

W celu wstępnej oceny skuteczności zabiegu wygrabiania, Zakład Ochrony Lasu IBL przeprowadził w roku 2004 porównawcze obserwacje liczby min na liściach kasztanowców w parkach w Grójcu i w Radziejowicach (woj. Mazowieckie), gdzie liście były wygrabiane z różną dokładnością.

2. Metodyka

Liście do analiz liczebności min powstałych wskutek żerowania szrotówka ścinano z dolnych części koron (z wysokości 2,5–3 m), zasiedlanych w pierwszej kolejności przez następujące po sobie generacje szkodnika, po czym w laboratorium liczono miny o wielkości 5 mm na całych 7-palczastych liściach.

Jesienią 2003 r. w parku w Grójcu, na glebie porośniętej w niewielkim stopniu trawą, liście zostały wygrabione bardzo dokładnie pod wszystkimi drzewami. Do badań pobierano liście z 5 drzew w 3 terminach: 6 lipca, 8 sierpnia i 16 października 2004 r.

W parku w Radziejowicach do badań pobierano liście z 4 kasztanowców rosnących w pobliżu pałacu na terenie porośniętym trawą i krzewami, z którego jesienią 2003 r. liście zostały wygrabione częściowo. Liście porównawcze zostały ścięte z 4 kasztanowców w głębi parku, gdzie ubiegłoroczne liście nie były wygrabione. Liście ścinano w 3 terminach: 24 czerwca, 5 sierpnia i 14 września 2004 r.

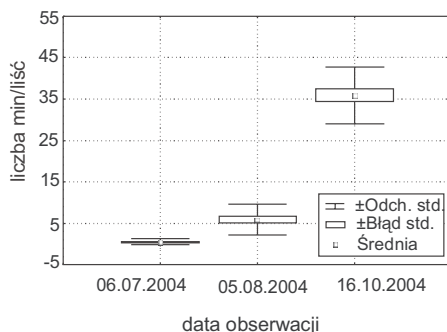
3. Wyniki

⌚ Park w Grójcu

Podczas pobierania prób liści w dniu 6 lipca stwierdzono bardzo nieliczne występowanie pierwszego pokolenia szrotówka, przeciętnie 1 mina przypadała na 2 liście. W dniu 5 sierpnia, kiedy na liściach były obecne miny pierwszego oraz drugiego pokolenia, ich liczebność wzrosła średnio do 6 min/liść. Analiza liści zebranych w dniu 16 października wykazała obecność min trzech pokoleń szrotówka, średnio na 1 liść ścięty w dolnej części korony przypadało około 36 min. Górne części koron były zasiedlone w niewielkim stopniu lub wcale. Graficzną interpretację wyników przedstawiono na ryc. 1.

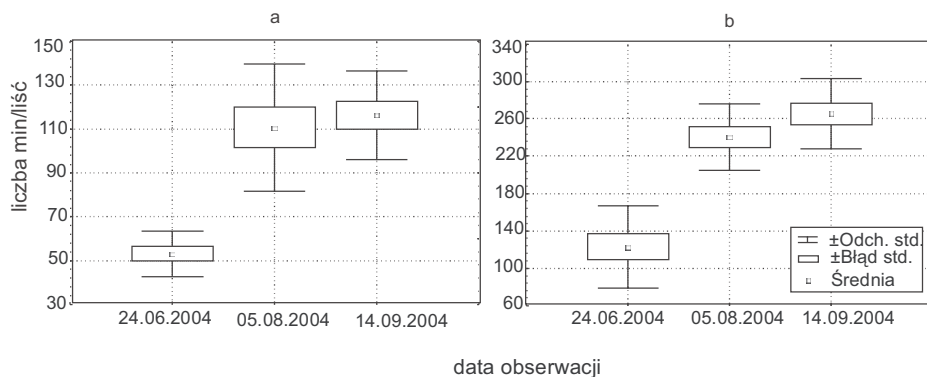
⌚ Park w Radziejowicach

Dane przedstawione na ryc. 2a,b świadczą, że w dniu 24 czerwca na kasztanow-



Ryc. 1. Średnia liczba min szrotówka kasztanowcowiaczka *C. ohridella* na liściach kasztanowców *A. hippocastanum* w parku w Grójcu, pod którymi wygrabiono ubiegłoroczne liście

cach, pod którymi ubiegłoroczne liście były częściowo wygrabione, przypadało średnio 53 miny/liść, podczas gdy na liściach z kasztanowców w głębi parku, z terenu nie wygrabianego było ich średnio 122. Analizy liści zebranych w dniu 5 sierpnia wskazują, że na terenie wygrabionym i niewygrabionym przypadało na 1 liść kasztanowca odpowiednio 110 i 240 min. Średnia liczba min 3 pokoleń gąsienic na liściach zebranych w dniu 14 września na terenach częściowo wygrabionych i niewygrabionych wynosiła odpowiednio 116 i 269.



Ryc. 2. Średnia liczba min szrotówka kasztanowcowiaczka *C. ohridella* na liściach kasztanowców *A. hippocastanum* w parku w Radziejowicach, pod którymi wygrabiono (a) i nie wygrabiono (b) ubiegłorocznych liści

4. Wnioski

Dokładne wygrabienie i usunięcie liści kasztanowców z diapauzującymi poczwarkami szrotówka zapewniło znaczną redukcję liczebności szkodnika w następnym sezonie wegetacyjnym i pozwoliło na zachowanie wartości dekoracyjnych drzew do końca września.

W warunkach, gdy pomimo grabienia, część liści pozostała w pobliżu kasztanowców, zasiedlenie liści przez pierwsze pokolenie szkodnika w następnym sezonie wegetacyjnym okazało się zredukowane o ponad 50%. Jednakże, wskutek intensywnego rozwoju następnego pokolenia szrotówka, już w sierpniu liście kasztanowców zostały intensywnie porażone, a walory dekoracyjne drzew znacznie się obniżyły.

Literatura

- Arnold C., Sengenon C. 2002: Reduction of infestation levels of the horse chestnut leafminer *Cameraria ohridella* Deschka et Dimic (Lep., Gracillariidae) through customary horticultural methods. *Gesunde-Pflanzen*. 54: 1, 1-5.
- Kukuła A., Hurej M., Mazurek J. 2002: Postępy w Ochronie Roślin. 42 (2): 658-661.
- Niesar C.M., Geisthoff N., Iskandarani J. 2003: Possible measures to control the population of *Cameraria ohridella* in the township of Bonn, INTERNET, www.galk.de/down/cameraria_fuer_berlin.pdf
- Pavan F., Bernardinelli I., Gambon N., Zandigiacomo P. 2003: Cultural control of *Cameraria ohridella* on horse chestnut in urban areas by removing fallen leaves in autumn. *J. of Arboriculture*, 29: 5, 253-258.

Zróźnicowanie genetyczne wybranych pochodzeń sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) z pogranicza polskiego i ukraińskiego na podstawie analizy mitochondrialnego DNA

Justyna Nowakowska¹, Roman Gouł², Yuliya Verbovytska², Jolanta Bieniek¹

¹Zakład Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych, Instytut Badawczy Leśnictwa,
ul. Bitwy Warszawskiej 1920r. nr 3, 00-973 Warszawa

²Laboratorium Genetyki Molekularnej Roślin, Katedra Leśnictwa,
Ukraiński Państwowy Uniwersytet Leśno-Techniczny (UPULT) we Lwowie,
ul. Gen. Czuprynka 103, 79 – 057 Lwów, Ukraina

Wstęp

Sosna zwyczajna jest ważnym gatunkiem gospodarczym i krajobrazowym w krajach środkowej i wschodniej Europy. W Polsce *P. sylvestris* występuje na terenie całego kraju, a na Ukrainie głównie na północnym zachodzie (Boratyński 1993, Giertych 1993).

Poznanie struktury genetycznej populacji sosny zwyczajnej w Europie ma kluczowe znaczenie w ochronie zasobów ge-

nowych tego gatunku, głównie w celu zachowania różnorodności biologicznej, jako niezbędnego warunku adaptacji *P. sylvestris* do zmiennych warunków środowiska. Badania składu genetycznego i filogenezy gatunków drzew leśnych są podstawą wielu współczesnych badań genetycznych, opartych głównie na markerach DNA (Chałupka 2003, Kremer i Reviron 2004, Hamrick 2004). W badaniach filogenetycznych drzew leśnych stosuje się przede wszystkim

markery komórkowe (chloroplasty i mitochondria), których zaletą jest dziedziczenie uniparentalne, czyli wyłącznie od jednego z drzew rodzicielskich. U drzew iglastych chloroplasty przekazywane są potomstwu wraz z pyłkiem drzewa ojcowskiego, a mitochondria przekazywane są przez drzewo mateczne. Zatem w potomstwie sosny zwyczajnej mitochondrialne DNA (czyli haplotyp) ma tę samą strukturę jak drzewo macierzyste, tak więc charakterystyka haplotypowa drzew pozwala na ustalenie pokrewieństwa osobników w drzewostanie i między drzewostanami, a w konsekwencji umożliwia m.in. odtworzenie dróg migracji gatunku po okresie ostatniego zlodowacenia w Europie (Newton i in. 1999, Hamrick 2004). Dzięki zastosowaniu markerów chloroplastowych i mitochondrialnych udowodniono, że ekspansja polodowcowa wielu gatunków drzew leśnych na północ Europy następowała z trzech głównych refugium południowo-europejskich, położonych na półwyspie Iberyjskim, Apenińskim i Bałkańskim, oraz z refugium położonego w centralnej Rosji (Sinclair i in. 1999, Mitton i in. 2000, Prus-Głowacki i in. 2003).

Nasilająca się ostatnio ingerencja człowieka w skład gatunkowy zasobów leśnych, znacząco wpłynęła na zmianę struktury genetycznej wielu gatunków w Europie. Zmiany te przyczyniły się z jednej strony głównie do redukcji swobodnego przepływu genów między eksploatowanymi pochodzeniami, ale z drugiej strony umożliwiły w niektórych przypadkach powstanie nowych pul genowych, na skutek introdukcji obcych pochodzeń (Latta i in. 2001, Sabor 2003, Smouse i Sork 2004).

W badaniach zastosowano markery miejsc znaczonych sekwencyjnie STS (*Sequence Tagged Sites*) w celu amplifikacji mitochondrialnej sekwencji intronu b/c, genu NADH dehydrogenazy (*nad1*), dziedziczonego matecznie u drzew iglastych (Mitton i in. 2000).

Celem pracy było porównanie struktury haplotypów genu *nad1* w sąsiadujących ze sobą polskich i ukraińskich populacjach so-

сны zwyczajnej i określenie filogenetycznego pokrewieństwa między przygranicznymi drzewostanami sosny. Do analiz wybrano trzy populacje polskie: jedną z mikroregionu nasiennego 405 – Strzelce, i dwie z mikroregionu 606 – Janów Lub. i Józefów (Załęski 2000), oraz trzy populacje ukraińskie: Stradcz, Busk i Radehiv (Gout, mat. niepubl.), położone w odległości od 30 do 100 km na wschód od granicy polsko-ukraińskiej.

Metodyka badań

Analizy zmienności genetycznej przeprowadzono na igłach zebranych z piętnastu losowo wybranych drzew w populacjach polskich i z trzydziestu drzew w populacjach ukraińskich (tab.). Całkowite DNA ekstrahowano z igieł za pomocą zestawów do izolacji DNA (DNeasy 250 Plant Mini Kit, QIAGEN), a wydajność ekstrakcji oceniano na podstawie migracji elektroforetycznej w 1% żelu agarozowym oraz komputerowej analizy w programie Gel Doc™ 2000 (BioRad).

Następnie przeprowadzono analizy zmienności genetycznej na podstawie reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR) przy zastosowaniu markerów STS. Używając specyficznych starterów Hf i Ir, amplifikowano polimorficzny region o długości ok. 223-254 par zasad intronu b/c genu NADH dehydrogenazy *nad1* (Mitton i in. 2000, Soranzo i in. 2000). Reakcja PCR przebiegała w następujących warunkach: 30 ng DNA genomowego; 1 × bufor reakcyjny (pH = 8,0); 1,5 M MgCl₂; 1 × roztwór Q; 200 M dNTP; 1 M starterów Hf i Ir; oraz 1 U Taq polimerazy. Całość umieszczano do inkubacji w termocyklerze (Biometra), zaprogramowanym na 30 cykli amplifikacji (Soranzo i in. 2000, zmodyfikowane). Każdy cykl powielania DNA (PCR) obejmował następujące etapy: I – temp. 95 °C przez 3 min.; II – 92 °C, 30 s; III – 55 °C, 30 s; IV – 72 °C, 1 min). Końcowe wydłużanie fragmentów przebiegało przez 5 min w 72 °C. Amplifikowane fragmenty DNA rozdziela-

Tabela. Frekwencje haplotypów genu *nad1* i zróżnicowanie genetyczne badanych pochodzeń sosny zwyczajnej

Mikroregion nasienny*	Pochodzenie	Frekwencje haplotypów				h Nei
		a	b	c	d	
606 (PL)	Janów L.	–		0,333	0,667	0,444
606 (PL)	Józefów	–		0,786	0,214	0,337
405 (PL)	Strzelce	–	0,133	0,400	0,467	0,604
Razem PL		–	0,045	0,500	0,454	$H_T = 0,541$
UA	Stradcz	0,630		0,259	0,111	0,524
UA	Busk	0,379	0,103	0,241	0,276	0,711
UA	Radehiv	0,321	0,107	0,179	0,393	0,699
Razem UA		0,440	0,071	0,226	0,262	$H_T = 0,681$

* PL – pochodzenia polskie, UA – pochodzenia ukraińskie (wg Załęski 2000, dla polskich pochodzeń)

no w 1,8% żelu agarozowym i analizowano za pomocą programu BIO-PROFIL Bio-Genie Windows Application V99.05.

Zgodnie z przyjętą nomenklaturą, otrzymane warianty sekwencji DNA mitochondrialnego określano terminem „haplotypów” i oznaczano na podstawie następującego kodu: fragmenty o długości 189-222 par zasad – haplotyp „a”; 223-229 pz – „c”; 230-236 pz – „d” i 237-250 pz – „b” (Soranzo i in. 2000, zmodyfikowane).

Współczynniki zmienności genetycznej obliczano na podstawie częstości haplotypów oraz współczynnika zmienności genetycznej h (Nei 1978), a pokrewieństwo genetyczne przedstawiono za pomocą dendrogramu wg analizy skupień średnich połączeń (UPGMA, Nei 1978), w programie PopGene wersja 1.32 (<http://www.ualberta.ca/~fyeh/>).

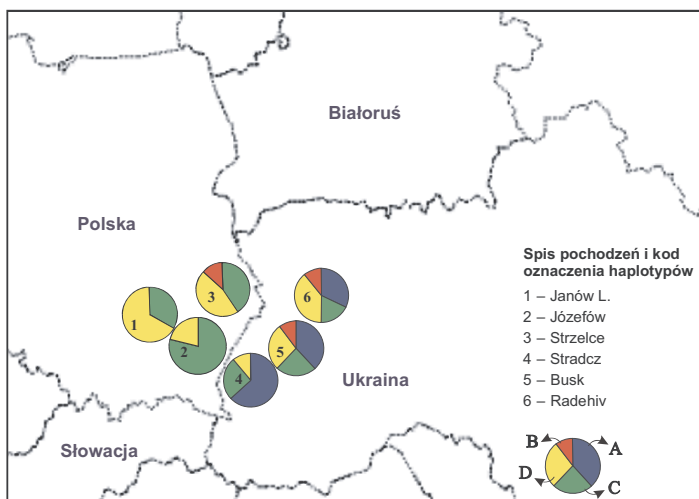
Wyniki i dyskusja

Przedstawione badania dotyczą oceny zmienności haplotypów wybranych polskich i ukraińskich pochodzeń sosny zwyczajnej na poziomie mitochondrialnego DNA oraz próby analizy filogenetycznego pokrewieństwa między nimi. Podobny wiek badanych

populacji (89–118 lat) umożliwił porównanie struktury genetycznej pochodzeń.

Analiza frekwencji poszczególnych haplotypów występujących w populacji stanowi cenną informację na temat struktury genetycznej i znajduje szerokie zastosowanie w identyfikacji zasobów genowych *P. sylvestris* (Perry i Bousquet 2001, Hamrick 2004). Na podstawie analiz STS wyodrębniono cztery warianty haplotypów genu *nad1* sosny zwyczajnej: „a”, „b”, „c” i „d”, występujące z różną frekwencją w badanych populacjach. Wśród polskich populacji najczęściej występującym haplotypem był haplotyp „d” (45,5%), a najrzadziej – „b” (0,45%) (tab.). W trzech polskich populacjach sosny nie wystąpił haplotyp „a”. Największą zmienność wewnątrzpopulacyjną stwierdzono dla pochodzenia Strzelce ($h = 0,604$), a najmniejszą – dla pochodzenia Józefów ($h = 0,337$). Całkowita zmienność haplotypów dla badanych polskich pochodzeń wynosi $H_T = 0,541$ (tab.).

Najczęściej występującym haplotypem wśród badanych pochodzeń sosny ukraińskiej był haplotyp „a” (44%), a najrzadziej – haplotyp „b” (0,71 %) (tab.). Pochodzenie Busk charakteryzowała największa zmienność wewnątrzpopulacyjna ($h = 0,711$), a



Ryc. 1. Geograficzne rozmieszczenie czterech haplotypów „a”, „b”, „c” i „d” genu *nad1* w badanych polskich i ukraińskich pochodzeniach sosny zwyczajnej

pochodzenie Stradcz – najmniejsza ($h = 0,542$). Wszystkie trzy pochodzenia ukraińskie posiadają wysoką całkowitą zmienność wewnątrzpopulacyjną $H_T = 0,869$ (tab. 1).

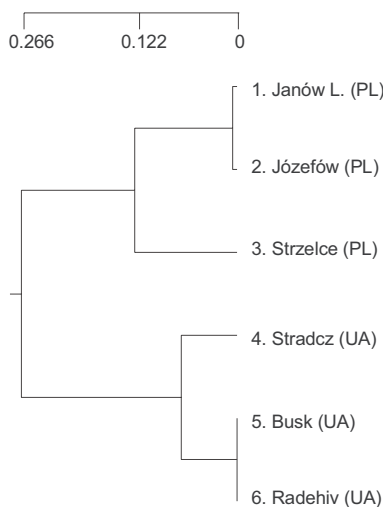
Ogólnie, ukraińskie populacje *P. sylvestris* charakteryzuje większe zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne haplotypów ($H_T = 0,681$) niż badane polskie pochodzenia ($H_T = 0,541$). W porównaniu do drzewostanów sosny z innych regionów Polski, badanych na podstawie markerów losowo amplifikowanego polimorficznego DNA (RAPD), południowo-wschodnie populacje (m.in. Strzelce, Janów L. i Józefów) charakteryzuje względnie niski współczynnik zmienności międzypopulacyjnej ($G_{ST} = 0,146$; Nowakowska 2003).

Wartości zmienności wewnątrzpopulacyjnej (H_T) testowanych polskich i ukraińskich pochodzeń sosny można uznać za porównywalne, biorąc pod uwagę zmienność haplotypów *nad1* w innych regionach Polski, np. $H_T = 0,650$ dla sosny spalskiej i $H_T = 0,597$ dla sosny napiwodzko-ramuckiej (Nowakowska i Rakowski, 2005).

Poddane analizie drzewostany sosny zwyczajnej wykazały zróżnicowany udział haplotypów mitochondrialnego genu *nad1* „a”, „b”, „c” i „d” w zależności od geograficznego położenia przygranicznych populacji (w Polsce lub na Ukrainie) (ryc. 1).

Trzy polskie populacje sosny zwyczajnej (Janów L., Józefów i Strzelce) charakteryzowały się brakiem występowania haplotypu „a”, podczas gdy jego występowanie odnotowano w populacjach ukraińskich. Wcześniejsze badania haplotypów *nad1* u sosny wykazały występowanie haplotypu „a” głównie w południowo-zachodniej Hiszpanii, w Niemczech, Czechach oraz w Szkocji (Soranzo i in. 2000). Haplotyp „a” jest również obecny na terenie północnej oraz południowej Polski (Nowakowska i Rakowski, 2005).

Niniejsze doniesienie potwierdza występowanie rzadkiego haplotypu „b” w południowo-wschodniej części Polski (pochodzenie Strzelce) oraz w dwóch badanych pochodzeniach ukraińskich (Busk i Radehiv). Haplotyp „b” występuje również z niską frekwencją w innych polskich pochodzeniach w północnej (Kubryk, Wipsowo, Myszyniec) oraz w południowej Polsce (Smardzewice, Spała, Brzeziny, Barycz i Bełchatów; Soranzo i in. 2000, Nowakowska i Rakowski 2005). Obecność tego haplotypu w Europie odnotowano w populacjach sosny zwyczajnej w północno-wschodniej Hiszpanii (Soranzo i in. 2000). Haplotypy „c” i „d”, wykryte dotychczas jedynie w Polsce, w mniejszym stopniu różnicują badane po-



Ryc. 2. Dendrogram podobieństw genetycznych wg Nei (1978) dla badanych pochodzeń sosny zwyczajnej. PL – pochodzenia polskie, UA – pochodzenia ukraińskie

chodzenia, gdyż są obecne zarówno w polskich, jak i ukraińskich pochodzeniach (Nowakowska i Rakowski 2005).

Odrębność filogenetyczną badanych polskich i ukraińskich populacji sosny wyraźnie ilustruje dendrogram dystansu genetycznego (UPGMA). Na jego podstawie można wyróżnić dwie grupy populacji spokrewnionych genetycznie: grupę populacji polskich (Janów Lub., Józefów i Strzelce) oraz grupę populacji ukraińskich (Stradcz, Busk i Radehiv) (ryc. 2). Obie grupy dzieli duży dystans genetyczny ($D_N = 0,226$). Populacje polskie (Janów Lub. i Józefów) są bardziej spokrewnione genetycznie między sobą ($D_N = 0,002$), podczas gdy populację Strzelce oddziela od nich większy dystans genetyczny ($D_N = 0,122$). Wśród badanych pochodzeń ukraińskich, pochodzenia Busk i Radehiv są bardziej spokrewnione ze sobą, niż z pochodzeniem Stradcz (ryc. 2).

Podsumowując, przygraniczne pochodzenia ukraińskie charakteryzuje większa różnorodność haplotypów („a”, „b”, „c” i „d”) mitochondrialnego DNA niż przygraniczne pochodzenia polskie. Przeprowadzone wcześniej badania izoenzymatyczne wykazały względnie duży polimorfizm i wysoką liczbę alleli na *locus* w północno-zachodnich pochodzeniach sosny na Ukrainie (Prus-Głowacki 1994). Ponieważ struktura

genetyczna testowanych polskich populacji jest bardziej jednorodna pod kątem jakości i frekwencji występujących haplotypów (głównie „c” i „d”, z domieszką „b”), zubożenie haplotypowe przygranicznych polskich pochodzeń sosny jest prawdopodobnie przyczyną obserwowanego podziału filogenetycznego między sąsiadującymi ze sobą pochodzeniami polskimi i ukraińskimi. Stan ten wynika prawdopodobnie z odmiennych działań gospodarki leśnej prowadzonych w obu państwach. Na Ukrainie przyjmuje się, że populacja Radehiv jest prawdopodobnie obcego pochodzenia, gdyż była założona w ubiegłych stuleciach przez państwo austriackie (Gout, mat. niepubl.).

Aby w pełni porównać skład genetyczny polskich i ukraińskich pochodzeń sosny zwyczajnej, przewiduje się rozszerzenie niniejszych badań o większą liczbę pochodzeń tego gatunku w Polsce i na Ukrainie, co w znacznej mierze umożliwi ustalenie szczegółowych powiązań filogenetycznych między populacjami *P. sylvestris* w tym regionie Europy.

Wnioski

Poddane analizie populacje sosny zwyczajnej wykazały zróżnicowany udział haplotypów mitochondrialnego genu *nad1* „a”,

„b”, „c” i „d” w zależności od geograficznego położenia przygranicznych polskich i ukraińskich populacji. Wszystkie badane populacje charakteryzowała obecność haplotypów „c” i „d”.

Trzy polskie pochodzenia (Janów Lub., Józefów i Strzelce) charakteryzowały się brakiem występowania haplotypu „a”. Haplotyp „b” występował jedynie w pochodzeniu Strzelce (0,45%).

Duży udział haplotypu „a” charakteryzował badane pochodzenia ukraińskie (44%). U dwóch z nich (Busk i Radehiv) stwierdzono względnie duży udział rzadkiego haplotypu „b” (0,71%).

Mniejsze zróżnicowanie genetyczne haplotypów wykryto w polskich badanych pochodzeniach ($H_T = 0,541$) w porównaniu do trzech przygranicznych pochodzeń ukraińskich ($H_T = 0,681$).

Na podstawie dendrogramu dystansu genetycznego wykazano, że pochodzenia polskie i ukraińskie stanowią dwie odrębne grupy filogenetyczne. Większa jednorodność frekwencji haplotypów *nad1* w przygranicznych polskich pochodzeniach sosny jest prawdopodobnie spowodowana zubożeniem puli genowej w wyniku intensywnej gospodarki leśnej.

Literatura

- Boratyński A. 1993: Systematyka i geograficzne rozmieszczenie. [W:] Biologia sosny zwyczajnej (red. Białobok S., Boratyński A., Bugała W.) Wyd. Sorus PAN Poznań-Kórnik 1993: 45-69.
- Chałupka W. 2003: Współczesne trendy w badaniach genetycznych drzew leśnych. Prace Inst. Bad. Leś., A, 1: 69-75.
- Giertych M. 1993: Zmienność proveniencyjna. [W:] Biologia sosny zwyczajnej (red. Białobok S., Boratyński A., Bugała W.) Wyd. Sorus PAN Poznań-Kórnik 1993: 325-339.
- Hamrick J. L. 2004: Response of forest trees to global environmental changes. For. Ecol. Manag., 197: 323-335.
- Kremer A., Reviron M. P. 2004: Dynamics and conservation of genetic diversity in forest ecosystems. For. Ecol. Manag., 197: 1-2.
- Latta R. G., Linhart Y. B., Mitton J. B. 2001: Cytonuclear disequilibrium and genetic drift in a natural population of ponderosa pine. Genetics, 158: 843-850.
- Mitton J. B., Kreiser B. R., Rehfeldt G. E. 2000: Primers designed to amplify a mitochondrial *nad1* intron in ponderosa pine, *Pinus ponderosa*, limber pine, *P. flexilis*, and Scots pine, *P. sylvestris*. Theor. Appl. Genet., 101: 1269-1272.
- Nei M. 1978: Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individual. Genetics, 89: 583-590.
- Newton A. C., Allnutt T. R., Gillies A. C. M., Lowe A. J., Ennos R. A. 1999: Molecular phylogeography, intraspecific variation and the conservation of tree species. Tree, 14(4): 140-141.
- Nowakowska J. 2003: Zróżnicowanie genetyczne wybranych populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) na podstawie analiz RAPD. Sylwan, 11: 26-37.
- Nowakowska J., Rakowski K. 2005: Charakterystyka zmienności genetycznej sosny napiwodzko-rakowskiej i spalskiej na podstawie analiz mitochondrialnego DNA. Leś. Pr. Bad., 2005/2: 73-91.
- Perry D. J., Bousquet J. 2001: Genetic diversity and mating system of post-fire and post-harvest black spruce: an investigation using codominant sequence-tagged-site (STS) markers. Can. J. For. Res., 31: 32-40.
- 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 Syst. Evol. 239: 55-66.
- Prus-Głowacki W. 1994: Genetic differentiation of *Pinus sylvestris* L. in Europe. Proceedings of the IUFRO S.2.02.18. Symposium, Lithuania 13-17 September 1994: 63-70.