

KATARZYNA MASTERNAK, MAGDALENA POLAK-BERECKA

Polimorfizm izoenzymów świerka pospolitego rasy istebniańskiej, tarnawskiej oraz wybranych pochodzeń doświadczenia IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy*

Isoenzyme polymorphism of Norway spruce of the Istebna and Tarnawa race and selected provenances tested in IPTNS-IUFRO 1964/68 trial in Krynica

ABSTRACT

Masternak K., Polak-Berecka M. 2014. Polimorfizm izoenzymów świerka pospolitego rasy istebniańskiej, tarnawskiej oraz wybranych pochodzeń doświadczenia IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy. Sylwan 158 (7): 516-523.

In this study the genetic structure of Istebna and Tarnawa plus trees was studied and polymorphism of twenty four provenances of spruce tested in a IPTNS-IUFRO 1964/68 site in Krynica representing selected regions of the species occurrence was analyzed. The genetic diversity was estimated with seven isoenzyme systems encoded in eleven loci. The highest genetic polymorphism was shown by plus trees of the Istebna and Tarnawa race and the lowest by spruce from IUFRO experiment. There was a statistically significant effect of origin on the mean number of alleles per locus. The origin of the analyzed trees had no effect on other parameters of genetic variability: the effective number of alleles per locus, observed and expected heterozygosity and Wright index.

KEY WORDS

Picea abies, IUFRO, isoenzymes, genetic variability

ADDRESSES

Katarzyna Masternak ⁽¹⁾ – e-mail: katarzyna.masternak@up.lublin.pl
Magdalena Polak-Berecka ⁽²⁾

⁽¹⁾ Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin; Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie;
ul. Akademicka 13; 20-950 Lublin

⁽²⁾ Katedra Biotechnologii, Żywnienia Człowieka i Towaroznawstwa Żywności; Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie; ul. Skromna 8; 20-704 Lublin

Wstęp

Wyniki dotychczasowych badań proweniencyjnych koordynowanych przez Międzynarodową Unię Leśnych Organizacji Badawczych (International Union of Forest Research Organisations, IUFRO) wskazują na wysokie walory hodowlane świerków karpackich, a w szczególności świerka rasy istebniańskiej. W najstarszym doświadczeniu IUFRO 1938 wykazano, że niezależnie od miejsca lokalizacji powierzchni badawczych najwyższą wysokość osiąga świerk istebniański. Podobne rezultaty otrzymano w przypadku pomiaru pierśnicy i produkcji masy na hektar [Giertych 1984]. Dobrą wartość genetyczno-hodowlaną większości drzewostanów rasy istebniańskiej z Beskidu

* Praca finansowana częściowo przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Numer projektu N N309 070136.

Śląskiego i Żywieckiego potwierdziły badania wykonane na powierzchniach porównawczych międzynarodowego doświadczenia inwentaryzacyjnego IPTNS-IUFRO 1964/68, gdzie zdecydowana większość proveniencji karpackich wykazywała wysokość wyższą od średniej oszacowanej dla europejskich populacji tego gatunku oraz dużą dynamikę przyrostu [Sabor 1989]. Również w kolejnym doświadczeniu IUFRO 1972 świerki proveniencji Istebna z Leśnictwa Bukowiec i Zapowiedź osiągnęły wysokość wyższą od przeciętnej. Proveniencja Tarnawa należała natomiast do jednej z najwolniej przyrastających [Barzdajn 1994].

Obecnie świerk rasy istebniańskiej jest uważany za standard bazy nasiennej w realizowanych programach selekcji i zachowania leśnych zasobów genowych w Polsce. Zaleca się stosowanie nasion tej rasy w odnowieniach drzewostanów należących do około 50 nadleśnictw kraju, jak również (z uwagi na wysoką plastyczność) poza granicami Polski [Sabor 2005]. Pomimo dużej wiedzy na temat wartości genetyczno-hodowlanej świerka istebniańskiego [Giertych 1984; Sabor 1989; Barzdajn 1994] nieliczne badania donoszą o zmienności genetycznej tej rasy [Prus-Głowacki, Modrzyński 2003; Polak-Berecka, Perchlicka 2007]. W przedstawionej pracy określono zmienność genetyczną drzew matecznych świerka rasy istebniańskiej i tarnawskiej oraz wybranych proveniencji z zasięgu północno-wschodniego, alpejskiego i karpackiego.

Celem badań było oszacowanie różnic pomiędzy populacjami doświadczenia IUFRO reprezentującymi wybrane regiony występowania gatunku a świerkiem rasy istebniańskiej, stanowiącym elitę selekcyjną w Polsce.

Materiał i metody

Analizy wykonano na 24 proveniencjach świerka objętych międzynarodowym doświadczeniem inwentaryzacyjnym IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy oraz świerkach rasy karpackiej należących do dwóch odrębnych populacji: istebniańskiej z Beskidu Śląskiego (świerk zachodniokarpacki) i tarnawskiej z Bieszczad (świerk wschodniokarpacki). Ogółem badaniami objęto 240 drzew doświadczenia IUFRO w wieku 45 lat, 61 drzew matecznych rasy istebniańskiej oraz 25 rasy tarnawskiej. Łącznie przeanalizowano zmienność genetyczną 326 świerków z 13 regionów geograficznych [Krutzsch 1968].

Badano siedem systemów izoenzymowych kodowanych w 11 loci: dehydrogenazę glutaminianową (GDH, E.C. 1.4.1.2, locus Gdh-A), dehydrogenazę szikimianową (SHDH, E.C. 1.1.1.25, locus Shdh-A), dehydrogenazę jabłczanową (MDH, E.C. 1.1.1.37, loci Mdh-A, Mdh-B, Mdh-C), dehydrogenazę izocytrynianową (IDH, E.C. 1.1.1.42, locus Idh-B), dehydrogenazę glutaminowo-szczawioctanową (GOT, E.C. 2.6.1.1, loci Got-A, Got-B, Got-C), aminopeptydazę leucynową (LAP, E.C. 3.4.11.1, locus Lap-B) oraz izomerazę fosfoglukonianową (PGI, E.C. 5.3.1.9, locus Pgi-A). Do analiz wybrano te systemy enzymatyczne, które są najbardziej zmienne w obrębie gatunku *Picea abies* [Opracowanie... 2003].

Określono średnią liczbę alleli w locus (N_d) oraz heterozygotyczność obserwowaną (H_o) opisującą udział heterozygot w całkowitej liczbie osobników badanej populacji. W celu ustalenia, jaka część alleli zostanie przekazana kolejnemu pokoleniu, obliczono efektywną liczbę alleli w locus (N_e) [Bergmann, Gregorius 1979]. Heterozygotyczność oczekiwaną (H_e), czyli taką, jaka istniałaby w populacji będącej w stanie równowagi genetycznej Hardy'ego-Weinberga, oszacowano na podstawie wzoru Nei'a i Roychoundry'ego [1974]. Następnie określono indeks wsobności według Wrighta [1987], który jest miarą wsobności populacji i przyjmuje wartości z przedziału (-1; 1). Gdy populacja znajduje się w stanie równowagi genetycznej, wówczas $W=0$ ($H_o=H_e$).

Podobieństwo genetyczne pomiędzy analizowanymi proveniencjami obliczono według wzoru podanego przez Nei'a [1972], a na tej podstawie wykonano dendrogram oparty na analizie skupień metodą średnich połączeń (UPGMA) [Sneath, Sokal 1973]. Parametry zmienności genetycznej obliczono za pomocą programu PopGene ver. 1.3 [Yeh i in. 1999]. Do oszacowania wpływu pochodzenia na parametry zmienności genetycznej badanych populacji świerka zastosowano jednoczynnikową analizę wariancji. Obliczenia wykonano przy wykorzystaniu programu Statistica ver. 9.0 (StatSoft, Inc.).

Wyniki

Najwyższymi wartościami średniej liczby alleli w locus charakteryzowały się drzewa mateczne rasy tarnawskiej, natomiast efektywnej liczby alleli w locus drzewa mateczne rasy istebniańskiej. Najniższe wartości wymienionych parametrów zanotowano dla proveniencji doświadczenia IUFRO. Również wartości heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej były w przypadku proveniencji świerków badanych na powierzchni badawczej w Krynicy generalnie niższe niż w przypadku drzew matecznych reprezentujących rasę istebniańską i tarnawską (tab. 1).

Na poziomie poszczególnych pochodzeń najwyższe wartości większości parametrów zmienności genetycznej zanotowano dla proveniencji świerka z Beskidu Śląskiego (pochodzenie Bukowiec), a najniższe dla populacji ze wschodnich Karpat w Rumunii (pochodzenie Cosna, Cucureasa 4A). Średnia oraz efektywna liczba alleli w locus wyniosła odpowiednio od 1,182 i 1,107 do 2,091 i 1,268. Wartości obu parametrów były do siebie najbardziej zbliżone w przypadku drzew doborowych z leśnictwa Zapowiedź, a więc dla świerka z Beskidu Śląskiego i Żywieckiego (region 63). Najniższą wartością heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej charakteryzowało się pochodzenie Cosna, Cucureasa 4A (0700) oraz z Tyrolu w Austrii (region 28), natomiast najwyższą drzewa doborowe z leśnictwa Bukowiec (region 63). Identyczne wartości parametrów heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej, a zatem jednakową proporcję homozygot do heterozygot, zanotowano u świerków pochodzenia Ukmerges (0351) i z północno-wschodniej Styrii w Austrii (region 32), co wskazuje, że proveniencje te znajdują się w stanie równowagi Hardy'ego-Weinberga. Najniższą wartość indeksu wsobności Wrighta, wskazującą na najwyższą liczbę heterozygot, zanotowano dla populacji Cimpeni, XV Valea Mare 24 (0,417). Najwyższą liczbę homozygot zaobserwowano u drzew proveniencji Bukowiec (0,283; tab. 1).

Jednoczynnikowa analiza wariancji wykazała istotny wpływ pochodzenia na średnią liczbę alleli w locus. Pod względem wymienionego parametru test Tukeya podzielił populacje na dwie grupy jednorodne. Do pierwszej należały świerki doświadczenia IUFRO z trzech regionów występowania gatunku oraz drzewa mateczne rasy istebniańskiej. Drugą grupę reprezentowały świerki z regionu alpejskiego, karpackiego oraz drzewa mateczne rasy istebniańskiej i karpackiej. Różnice pomiędzy wartościami pozostałych parametrów zmienności genetycznej były w zależności od regionu pochodzenia statystycznie nieistotne (tab. 2).

Średni dystans genetyczny wyniósł 0,0344. Najwyższe podobieństwo zanotowano pomiędzy drzewami matecznymi z leśnictwa Bukowiec i Malinka, które na dendrogramie utworzyły odrębne skupienie. W pozostałych przypadkach nie zaobserwowano znacznego podobieństwa genetycznego proveniencji z tych samych regionów występowania gatunku: karpackiego, alpejskiego i północno-wschodniego. Populacje odległe geograficznie, np. 0326 – Knyszyn oraz 0735 – Knittelfeld, skupione są bowiem w jednej grupie na dendrogramie. Z kolei duży dystans genetyczny zanotowano pomiędzy pochodzeniami zlokalizowanymi w jednym regionie geograficznym, np. 0856 – Roslavi, 0111 – Bricalovic i 1147 – Mogilevskoje Oblast (ryc.).

Tabela 1.

Średnie wartości parametrów zmienności izoenzymowej badanych populacji
 Mean values of isoenzyme variability for analysed populations

Region Krutzscha	Nazwa pochodzenia	N_a	N_e	H_o	H_e	W
Świerk z zasięgu północno-wschodniego						
68 – Pojezierze Mazurskie; Polska	0447 – Borki Knieja	1,364	1,237	0,109	0,113	0,035
69 – Pojezierze Augustow- skie, Podlasie; Polska	0326 – Knyszyn 0917 – Mikaszowka	1,273 1,546	1,155 1,209	0,091 0,136	0,088 0,125	-0,034 -0,088
70 – Puszcza Białowieska; Polska	0146 – Puszcza Białowieska	1,455	1,181	0,100	0,113	0,115
71 – Pojezierze Wileńskie, Pojezie- rze Białoruskie; Litwa, Białoruś	0351 – Ukmerges 0841 – Ignalino	1,455 1,455	1,200 1,218	0,118 0,100	0,118 0,128	0,000 0,219
75 – Białoruś	0111 – Bricalovic	1,546	1,231	0,164	0,131	-0,252
75 – Białoruś	1147 – Mogilevskoje Oblast	1,455	1,198	0,127	0,117	-0,085
76 – Wschodnia Rosja (Wzgórza Wałdaj); Rosja	0834 – Molvotitsk	1,455	1,194	0,155	0,120	-0,292
78 – Rosja 2	0856 – Roslavi	1,364	1,151	0,109	0,094	-0,160
	Średnia	1,437	1,197	0,121	0,115	-0,054
Świerk alpejski						
28 – Tyrol-Salzburg; Austria	0761 – Liembergwald/ Zell Am See, 59	1,546	1,145	0,073	0,094	0,223
32 – Styria (N-E) 1; Austria	0417 – Stanz-Kindtal- -Allerheiligen	1,455	1,215	0,091	0,122	0,254
32 – Styria (N-E) 1; Austria	0441 – Deutschlandsberg	1,364	1,179	0,118	0,111	-0,063
32 – Styria (N-E) 1; Austria	0451 – Seewiesen, Seereith	1,364	1,193	0,127	0,119	-0,067
32 – Styria (N-E) 1; Austria	0735 – Knittelfeld	1,546	1,193	0,118	0,123	0,041
32 – Styria (N-E) 1; Austria	0765 – Stuebing/Gamskogel	1,273	1,158	0,100	0,094	-0,064
32 – Styria (N-E) 1; Austria	0986 – Foelz, Mayerberg	1,364	1,216	0,164	0,133	-0,233
	Średnia	1,416	1,185	0,113	0,113	0,013
Świerk karpacki						
58 – Góry Bihor, Transylwania; Rumunia	0340 – Cimpeni, XV Valea Mare 24	1,273	1,185	0,146	0,103	-0,417
59 – Karpaty Wsch.; Rumunia	0439 – Dorna Cindreni, II Rosia, 50A	1,364	1,193	0,127	0,119	-0,067
59 – Karpaty Wsch.; Rumunia	0487 – Cucureasa, 65	1,273	1,107	0,073	0,070	-0,043
59 – Karpaty Wsch.; Rumunia	0700 – Cosna, Cucureasa 4A	1,182	1,107	0,055	0,065	0,154
59 – Karpaty Wsch.; Rumunia	0749 – Cucureasa, 65	1,364	1,149	0,073	0,099	0,263
59 – Karpaty Wsch.; Rumunia	0922 – Cucureasa, 65	1,455	1,268	0,182	0,155	-0,174
60 – Beskidy Wschodnie (Tarnawa); Polska	0925 – Tarnawa	1,273	1,206	0,136	0,112	-0,214
	Średnia	1,312	1,173	0,113	0,103	-0,071
Świerk istebniański						
63 – Beskid Śląski i Żyw.; Polska	Bukowiec	2,091	1,259	0,172	0,240	0,283
63 – Beskid Śląski i Żyw.; Polska	Malinka	1,556	1,248	0,139	0,136	-0,022
63 – Beskid Śląski i Żyw.; Polska	Zapowiedź	1,222	1,206	0,125	0,114	-0,096
	Średnia	1,623	1,238	0,145	0,163	0,055
Świerk tarnawski						
60 – Bieszczady; Polska	Sianki	2,000	1,234	0,147	0,140	-0,050
	Średnia	2,000	1,234	0,147	0,140	-0,050

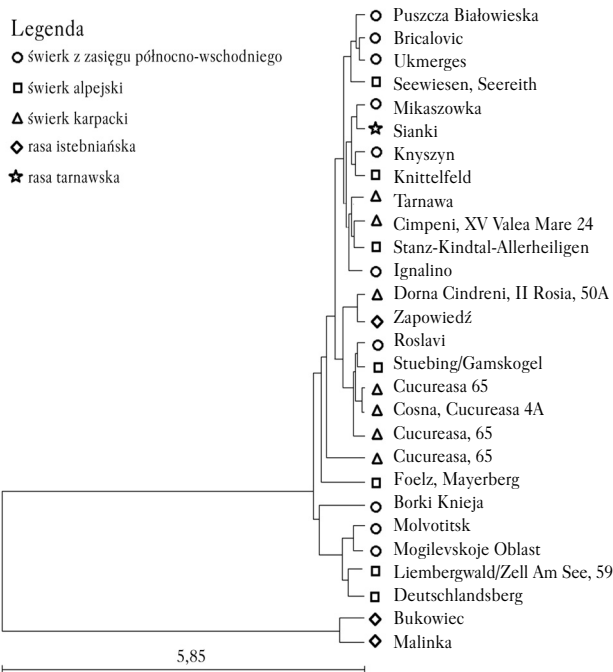
Numeracja i nazwy pochodzeń według Baluta i Sabora [2001]; provenance names and numbers after Balut and Sambor [2001]

Tabela 2.

Ocena wpływu pochodzenia na parametry zmienności genetycznej drzew
Effect of provenance on isoenzyme variability

Parametr	Suma kwadratów	Stopnie swobody	Średni kwadrat	F
N_a	0,53288	4	0,13322	5,49*
Błąd	0,55845	23	0,02428	–
N_c	0,01085	4	0,00271	1,81
Błąd	0,03335	23	0,00145	–
H_o	0,00333	4	0,00083	0,77
Błąd	0,02475	23	0,00108	–
H_c	0,00840	4	0,00210	2,73
Błąd	0,01773	23	0,00077	–
W	0,05272	4	0,01318	0,38
Błąd	0,79958	23	0,03476	–

*istotne na poziomie 0,01



Ryc.

Dystans genetyczny Nei'a między badanymi pochodzeniami świerka
Nei's genetic distance among analysed provenances

Dyskusja

Polimorfizm genetyczny drzew matecznych rasy istebniańskiej ($N_a=1,623$, $H_o=0,146$) i tarnawskiej ($N_a=2,00$, $H_o=0,147$), określony za pomocą średniej liczby alleli w locus i heterozygotyczności obserwowanej, był generalnie wyższy od polimorfizmu analizowanych proveniencji doświadczenia IUFRO ($N_a=1,394$, $H_o=0,116$) oraz od zmienności drzew w całym zasięgu występowania gatunku określonej przez Langercrantz i Rymana [1990] ($N_a=1,58$, $H_o=0,115$). Był natomiast niższy od wartości wymienionych parametrów uzyskanych przez Bergmanna i Gregoriusa [1979] ($N_a=2,14-3,14$, $H_o=0,36-0,45$). Wyższe wartości parametrów zmienności genetycznej

otrzymali Lewandowski i in. [1997] oraz Lewandowski i Burczyk [2002] analizujący populacje świerka z Polski, a także Prus-Głowacki i Modrzyński [2003] badający polskie proveniencje objęte doświadczeniem IUFRO 1972, w tym populację Istebna. Również Polak-Berecka [2001] oraz Polak-Berecka i Perchlicka [2007] badające te same drzewa mateczne rasy istebniańskiej i tarnawskiej, jakie analizowano w prezentowanej pracy, wykazały ich wyższy polimorfizm genetyczny. Stwierdzone różnice mogą wynikać z odmiennej liczby analizowanych loci izoenzymowych. Podczas gdy Polak-Berecka [2001] badała 11 enzymów kodowanych w 24 loci, w przedstawionej pracy analizą objęto 7 systemów izoenzymowych. Otrzymane różnice mogą być ponadto efektem specyfiki badanej populacji. Praca przedstawia bowiem analizę zmienności genetycznej drzew matecznych oraz populacji reprezentujących doświadczenie proveniencyjne, obejmujące potomstwo świerka z całego zasięgu występowania gatunku. Z kolei Bergmann i Gregorius [1979], Langercrantz i Ryman [1990], Lewandowski i in. [1997] oraz Lewandowski i Burczyk [2002] analizowali plantacje nasienne świerka lub drzewostany naturalne.

Zgodnie z wynikami badań Bergmanna i Gregoriusa [1979] wykazano niewielkie różnice w poziomie zmienności genetycznej pomiędzy pochodzeniami z północno-wschodniego i południowego zasięgu występowania gatunku. Heterozygotyczność obserwowana dla pochodzeń z Karpat i Alp wyniosła 0,113, a dla świerków z zasięgu północno-wschodniego 0,121. Uzyskane wyniki są podobne do opisanej dotychczas w literaturze wartości parametru heterozygotyczności obserwowanej otrzymanej dla drzewostanów z Karpat i Alp, która wyniosła od 0,144 do 0,165 [Giannini i in. 1991; Prus-Głowacki i in. 2007; Korshikov i in. 2008].

Rozpatrując ogólne podobieństwo zmienności genetycznej drzew matecznych i populacji doświadczenia IUFRO, nie udało się wskazać, do której populacji i z jakiego regionu świerk istebniański wykazuje największe podobieństwo. W otrzymanym dendrogramie brak jest bowiem wyraźnego podziału analizowanych proveniencji pod względem regionu pochodzenia. Według Sabora [1996] świerk istebniański jest natomiast pochodzeniem obcym, a korzystne wartości genetyczno-hodowlane wynikają z wysokiej zdolności adaptacyjnej tej rasy.

Uzyskane wyniki analizy 11 loci izoenzymowych nie wykazały różnic w zmienności genetycznej populacji świerka rasy istebniańskiej, tarnawskiej oraz proveniencji doświadczenia IUFRO. Najwyższymi wartościami parametrów zmienności genetycznej charakteryzowały się zarówno drzewa mateczne rasy tarnawskiej, które w doświadczeniu IUFRO 1964 wykazywały złą jakość genetyczną, jak i świerk istebniański stanowiący elitę selekcyjną tego gatunku [Sabor 1996]. Najniższy polimorfizm zanotowano natomiast w przypadku populacji doświadczenia IUFRO. Na uzyskane wartości parametrów zmienności genetycznej mogła mieć wpływ różna liczba drzew należących do każdej z badanych populacji. Brak wyraźnych różnic pomiędzy świerkiem rasy istebniańskiej i tarnawskiej oraz proveniencjami z karpackiego, alpejskiego i północno-wschodniego regionu występowania gatunku może również wynikać z rodzaju zastosowanej techniki. Izoenzymy należą bowiem do markerów wolno mutujących, pozwalających na wykazanie niższej różnorodności genetycznej w porównaniu do markerów szybko ewoluujących, do których należą np. mikrosatelity [Freeland 2008]. Prawdopodobnie istotne różnice w zmienności genetycznej świerka będzie można ustalić za pomocą bardziej czułych metod molekularnych. Potwierdzają to m.in. badania sosny czerwonej (*Pinus resinosa*), dla której u 159 osobników stwierdzono brak zmienności izoenzymowej oraz niewielką zmienność markerów RAPD, natomiast na podstawie 9 loci mikrosatelitarnych wyodrębniono 25 alleli i 23 różnych haplotypów [Echt i in. 1998]. Podobne rezultaty przyniosły również analizy sosny wydmowej (*Pinus contorta*) [Thomas i in. 1999].

Podsumowanie

Drzewa mateczne rasy istebniańskiej i tarnawskiej nie wykazały znacząco lepszej jakości genetycznej w porównaniu do wybranych populacji doświadczenia IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy z zasięgu północno-wschodniego, alpejskiego i karpackiego. Informacja ta ma duże znaczenie dla praktyki leśnej, bowiem drzewa mateczne, będąc źródłem pozyskania leśnego materiału rozmnożeniowego, powinny umożliwić pozyskanie wartościowych nasion [Dawidziuk 2001]. Można zatem stwierdzić, że pomimo istotnego wpływu pochodzenia na średnią liczbę alleli w locus, rozkład grup jednorodnych wskazuje, że drzewa mateczne rasy istebniańskiej i tarnawskiej dobrze reprezentują zmienność świerka z całego zasięgu występowania gatunku i z powodzeniem mogą być wykorzystywane w gospodarce leśnej.

Podziękowania

Autorzy pragną wyrazić szczególne podziękowania Panu Profesorowi Januszowi Saborowi za wyjątkowe warunki do pracy naukowej, silne bodźce do dalszego rozwoju i wiele inspiracji związanych ze wspólnie realizowanymi projektami.

Literatura

- Bałut S., Sabor J. 2001. Inventory provenance test of Norway Spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) IPTNS-IUFRO 1964/68 in Krynica. Part I. Description of the experimental area. Test material.
- Barzdajn W. 1994. Dwudziestoletnie doświadczenie proveniencyjne ze świerkiem (*Picea abies* [L.] Karsten) serii IUFRO 1972 w Leśnym Zakładzie Doświadczalnym Siemianice. I. Cechy wzrostowe. Sylwan 138 (11): 25-36.
- Bergmann F., Gregorius H. R. 1979. Comparison of the genetic diversities of various populations of Norway spruce (*Picea abies*). W: Rudin F. [red.]. Proceedings of the Conference on Biochemical Genetics of Forest Trees. Umea 99-107.
- Dawidziuk J. 2001. Raport o stanie lasów w Polsce. Centrum Informacyjne Lasów Państwowych. Warszawa.
- Echt C. S., De Verno L. L., Anzidei M., Vendramin G. G. 1998. Chloroplast microsatellites reveal population genetic diversity in red pine, *Pinus resinosa* Ait. Molecular Ecology 7: 307-316.
- Freeland J. 2008. Ekologia molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.
- Giannini R., Morgante M., Vendramin G. G. 1991. Allozyme variation in Italian populations of *Picea abies* (L.) Karst. Silvae Genetica 40: 160-166.
- Giertych M. 1984. Świerk istebniański w świetle międzynarodowych doświadczeń proveniencyjnych. Sylwan 128 (12): 27-42.
- Korshikov I. I., Privalikhin S. N., Makoġon I. V., Lisnichuk A. N. 2008. Features of the Population and Genetic Structure of Norway Spruce [*Picea abies* (L.) Karst] from the Ukrainian Carpathian Mountains and Polesie. Cytology and Genetics 42 (6): 378-383.
- Krutzsch P. 1968. Die Pflanzschulenergebnisse eines inventierenden Fichtenherkunftsversuches (*Picea abies* Karst. und *Picea obovata* Lebed.). Königl. Forstliche Hochschule, Stockholm.
- Langercrantz U., Ryman N. 1990. Genetic structure of Norway spruce (*Picea abies*): concordance of morphological and allozymic variation. Evolution 44: 38-53.
- Lewandowski A., Burezyk J. 2002. Allozyme variation of *Picea abies* in Poland. Scandinavian Journal of Forest Research 17: 487-494.
- Lewandowski A., Burezyk J., Chałupka W. 1997. Preliminary results on allozyme diversity and differentiation on Norway Spruce [*Picea abies* (L.) Karst.] in Poland based on plus tree investigations. Acta Societatis Botanicorum Poloniae 66 (2) 197-200.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. Am. Nat. 106: 283-292.
- Nei M., Roychoudry A. K. 1974. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. Genetics, 76: 379-390.
- Opracowanie szczegółowych wymagań wynikających z Dyrektywy Rady 1999/105/WE z dnia 22 grudnia 1999 r w odniesieniu do leśnego materiału podstawowego i produkowanego z niego leśnego materiału rozmnożeniowego. 2003. Instytut Badawczy Leśnictwa. Zakład Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych. 126.
- Polak-Berecka M. 2001. Określenie struktury genetycznej wybranych populacji świerka pospolitego z terenu Karpat metodą markerów izoenzymowych. Katedra Nasiennictwa, Szkółkarstwa i Selekcji Drzew Leśnych. Rozprawa doktorska (maszynopis).
- Polak-Berecka M., Perchlicka I. 2007. Polimorfizm izoenzymowy i zmienność genetyczna wybranych pochodzeń cząstkowych świerka rasy istebniańskiej. Sylwan 151 (10): 47-53.

- Prus-Głowacki W., Bielewicz A., Modrzyński A. 2007. Struktura genetyczna populacji świerka (*Picea abies*) z dolnego i górnego regla Karpat i Sudetów. Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej im. H. Kołłątaja w Krakowie 439: 43-55.
- Prus-Głowacki W., Modrzyński J. 2003. Zmienność izoenzymowa niektórych polskich populacji świerka (*Picea abies* (L.) Karst.) z doświadczenia proveniencyjnego IUFRO-1972. Sylwan 147 (3): 3-10.
- Sabor J. 1989. The age x age of spring flusing correlation and the selection of resistant to spring frost Norway spruce provenences of IPTNS-IUFRO 1964/68 experiment in Krynica. W: Stener L. G., Werner M. [red.]. Norway spruce provenences, breeding and genetic conservation. Inst. Forest Improvement. Uppsala, Rep. 11: 142-152.
- Sabor J. 1996. Możliwości zachowania i metody selekcji drzewostanów świerkowych rasy istebniańskiej. Sylwan 140 (3): 61-81.
- Sabor J. 2005. Ocena wyników proveniencyjnych świerka (*Picea abies* (L.) Karst.), jodły (*Abies alba* Mill.) i modrzewia europejskiego (*Larix decidua* Mill.). Materiały z konferencji: Ochrona leśnych zasobów genowych i hodowla selekcyjna drzew leśnych w Polsce – stan i perspektywy. Malinówka.
- Sneath P. H. A., Sokal R. R. 1973. Numerical Taxonomy. W. H. Freeman, San Francisco. 230-234.
- Thomas B. R., Macdonald S. E., Hicks M., Adams D. L., Hodgetts R. B. 1999. Effects of reforestation methods on genetic diversity of lodgepole pine: an assessment using randomly amplified polymorphic DNA markers. Theoretical and Applied Genetics 98: 793-801.
- Wright S. 1987. Variability within and among natural populations. Vol 4. The Univ. of Chicago Press, Chicago.
- Yeh F. C., Yang R., Boyle T. 1999. Popgene version 1,31. Microsoft Window – based for population genetic analysis.

SUMMARY

Isoenzyme polymorphism of Norway spruce of the Istebna and Tarnawa race and selected provenances tested in IPTNS-IUFRO 1964/68 trial in Krynica

The paper presents the assessment of the genetic variability of Norway spruce plus trees of the Istebna and Tarnawa race and selected provenances from north-eastern, alpine and carpathian range of the species occurrence. The genetic diversity was estimated using seven isoenzyme systems encoded in eleven loci. The highest genetic variability was shown for plus trees of the Tarnawa race, that in the IUFRO 1964/68 experiment showed a poor genetic quality, and the Istebna spruce representing the best stands of this species. The lowest value of genetic polymorphism was observed for spruce from IUFRO experiment. There was no effect of origin of the analyzed trees on the parameters of genetic variability: the effective number of alleles per locus, observed and expected heterozygosity and Wright's index. There was only a significant effect of the origin on the average number of alleles. Considering the overall similarity of the genetic structure of the plus trees and population from IUFRO experiment, it has not been shown, to which population and from which region Istebna spruce is most similar. The Istebna and Tarnawa plus trees did not also show significantly higher genetic quality compared to some of the population of IPTNS-IUFRO 1964/1968 experiment in Krynica. The distribution of homogeneous groups obtained from the analysis of variance, indicates that the plus trees of Istebna and Tarnawa race represent the variability of spruce from all the range of the occurrence of species and can be successfully used in forest management.